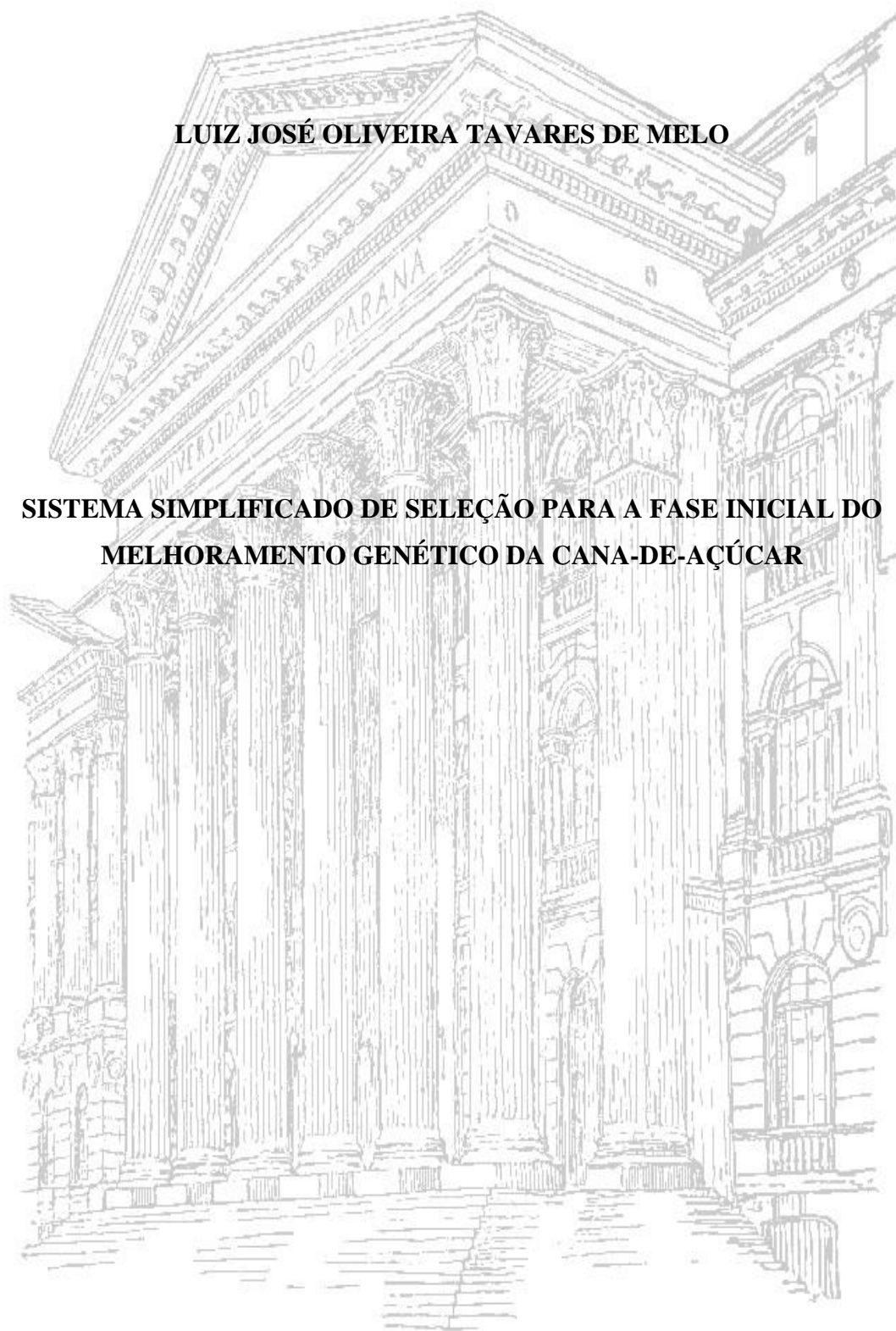


UNIVERSIDADE FEDERAL DO PARANÁ

LUIZ JOSÉ OLIVEIRA TAVARES DE MELO

**SISTEMA SIMPLIFICADO DE SELEÇÃO PARA A FASE INICIAL DO
MELHORAMENTO GENÉTICO DA CANA-DE-AÇÚCAR**



CURITIBA

2014

LUIZ JOSÉ OLIVEIRA TAVARES DE MELO

**SISTEMA SIMPLIFICADO DE SELEÇÃO PARA A FASE INICIAL DO
MELHORAMENTO GENÉTICO DA CANA-DE-AÇÚCAR**

Tese apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Agronomia, Área de Concentração em Produção Vegetal, Departamento de Fitotecnia e Fitossanitarismo, Setor de Ciências Agrárias, da Universidade Federal do Paraná, como parte das exigências para obtenção do título de Doutor em Ciências.

Orientador: Dr. Edelclaiton Daros

CURITIBA

2014



UNIVERSIDADE FEDERAL DO PARANÁ
SETOR DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM
AGRONOMIA - PRODUÇÃO VEGETAL

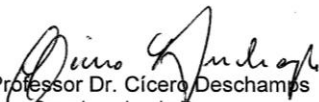


PARECER

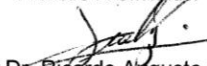
Os membros da Banca Examinadora designada pelo Colegiado do Programa de Pós-Graduação em Agronomia - Produção Vegetal, reuniram-se para realizar a arguição da Tese de DOUTORADO, apresentada pelo candidato **LUIZ JOSE OLIVEIRA TAVARES DE MELO**, sob o título **"SISTEMA SIMPLIFICADO DE SELEÇÃO PARA A FASE INICIAL DO MELHORAMENTO GENÉTICO DA CANA-DE-AÇÚCAR"**, para obtenção do grau de Doutor em Ciências do Programa de Pós-Graduação em Agronomia - Produção Vegetal do Setor de Ciências Agrárias da Universidade Federal do Paraná.

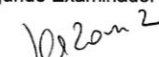
Após haver analisado o referido trabalho e argüido o candidato são de parecer pela **"APROVAÇÃO"** da Tese.

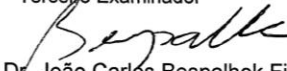
Curitiba, 30 de Julho de 2014.

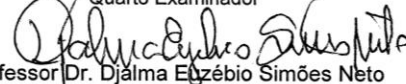

Professor Dr. Cícero Deschamps
Coordenador do Programa

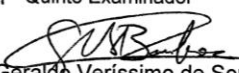

Dr. Heroldo Weber
Primeiro Examinador

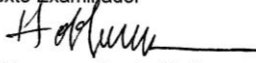

Professor Dr. Ricardo Augusto de Oliveira
Segundo Examinador

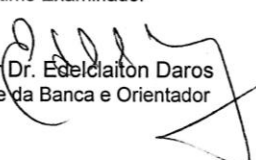

Professor Dr. José Luis Camargo Zambon
Terceiro Examinador


Professor Dr. João Carlos Besspalhok Filho
Quarto Examinador


Professor Dr. Djalma Elzébio Simões Neto
Quinto Examinador


Professor Dr. Geraldo Veríssimo de Souza Barbosa
Sexto Examinador


Professor Dr. Hermann Paulo Hoffmann
Sétimo Examinador


Professor Dr. Edelclaiton Daros
Presidente da Banca e Orientador

“Faça as coisas o mais simples que você puder,
porém não as mais fáceis”.

“Make things as simple as possible, but not
simpler”.

Albert Einstein

Aos meus pais, Reginaldo e Aliete, e aos meus irmãos Carlos, Paulo e Eleonora.

OFEREÇO

A minha esposa, Aurileide, e aos meus filhos, Diêgo e Tássia, que não medem esforços pelo meu sucesso, sempre transmitindo amor, confiança, estímulo e suporte nas horas mais felizes e tristes da minha vida.

DEDICO

AGRADECIMENTOS

A Deus, que me deu forças para vencer todos os obstáculos.

Aos estimados amigos Professores da UFPR pelos ensinamentos, conselhos e apoio durante a realização deste Curso.

Ao Professor Dr. Edelclaiton Daros pela orientação, incentivo e por ter possibilitado a realização deste Curso.

Aos Professores Drs. Ricardo Augusto de Oliveira, João Carlos Bespalhok Filho e José Luis Camargo Zambom pela confiança, contribuições, sugestões e agradável convivência.

Ao Dr. Heroldo Weber pelo companheirismo, incentivo, apoio, colaboração e sugestões.

Ao Dr. Djalma Euzébio Simões Neto, Coordenador da Estação Experimental de Cana-de-açúcar do Carpina - EECAC e aos Professores Valmar Correa de Andrade e Fernando José Freire pela oportunidade de realização do Curso de Pós-graduação.

Aos professores Drs. Marcos Deon Vilela de Resende e Marcio Henrique Pereira Barbosa pelos valiosos ensinamentos e orientação para as análises estatística.

A todos os demais professores da Pós-Graduação em Produção Vegetal da UFPR pelos ensinamentos, dedicação e compromisso com a educação.

Ao Professor Dr. Francisco José de Oliveira pelo estímulo, apoio e amizade e ao Professor Gerson Quirino Bastos pela confiança, conselhos e ensinamentos transmitidos que fizeram e fazem parte do meu crescimento intelectual e principalmente pessoal.

À professora Dra. Andrea Chaves pela revisão do texto, companheirismo, incentivo, apoio e amizade.

Aos colegas do Curso de Pós-Graduação em Produção Vegetal da UFPR, em especial aos amigos e companheiros de convivência Antônio Marcos Iaia, Geraldo Verissimo de Souza Barbosa, Luís Cláudio Inácio da Silveira e Antônio Ribeiro Fernandes Júnior.

À Secretária do Programa de Doutorado em Produção Vegetal, Sra. Lucimara Antunes, pela atenção e apoio.

À Secretária do Programa de Melhoramento Genético de cana-de-açúcar da EECAC/UFRPE, Sra. Sandra de Sá, pela atenção e apoio.

A todos os colegas de trabalho, pela colaboração e apoio na execução dos trabalhos de campo, em especial a equipe do PMGCA da UFPR, aos engenheiros agrônômicos Guilherme, Pedro, Pedrão e Hugo, aos técnicos agrícolas Fabinho, Alessandro, Wellington, José Batista (Mineiro), Alexandro (Gordo), Aílto e auxiliares de campo Cláudio, Ismair, Alexandre, Benega, Neca, Diego, Joca, Sr. Zé e a Verinha e os Pedro e Reginaldo.

Ao Engenheiro Agrônomo Francisco Gerber da UFPR pelo apoio e convivência.

À equipe do PMGCA/EECAC/UFRPE, bem como a Usina Santa Tereza pelo o apoio na execução dos ensaios desta pesquisa, em especial ao Engenho Agrônômico Gledson e ao técnico agrícola Jose Carlos Adelino.

A todos os colegas de trabalho pela colaboração e apoio na execução dos trabalhos de campo.

E aos demais que, direta ou indiretamente contribuíram para a execução deste trabalho.

BIOGRAFIA

Luiz José Oliveira Tavares de Melo, filho de Reginaldo Tavares de Melo e Aliete Alves de Oliveira Tavares de Melo, nasceu em Recife, Pernambuco, em 24 de março de 1964.

Concluiu o ensino básico e fundamental na cidade de São Lourenço da Mata, Pernambuco. Em 1982 concluiu o Curso de Técnico em Agropecuária, pelo Colégio Agrícola Dom Agostinho Ikas - CODAI da Universidade Federal Rural de Pernambuco.

Em 1982 foi contratado pelo Instituto do Açúcar e do Alcool para desenvolver atividades junto ao Programa Nacional de Melhoramento Genético da Cana-de-açúcar - IAA/PLANALSUCAR, Coordenadoria Regional Norte, na Estação Experimental da Cana-de-açúcar do Carpina (EECAC) – Carpina, Pernambuco, no cargo de Técnico em Agropecuária na área de Fitopatologia.

Em abril de 1982 recebeu Honra ao Mérito pela liberação da cultivar RB72454, Ministério da Indústria e do Comércio - IAA/PLANALSUCAR.

Em junho de 2002 formou-se em Licenciatura Plena em Ciências habilitação em Biologia, pela Universidade de Pernambuco - UPE.

Em 1990 passou para a Universidade Federal Rural de Pernambuco (UFRPE), lotado no Campus avançado na Estação Experimental de Cana-de-açúcar do Carpina (EECAC) no cargo de técnico em agropecuária.

Em 2005 recebeu o título de Mestre em Agronomia, Área de Concentração em Melhoramento Genético de Plantas, pela Universidade Federal Rural de Pernambuco.

A partir de março de 2005 passou a desenvolver atividades como pesquisador do Programa de Melhoramento Genético da Cana-de-açúcar (PMGCA) da EECAC-UFRPE, que integra a Rede Interuniversitária para ao Desenvolvimento do Setor Sucroenergético (RIDESA).

Em maio 2005 recebeu Honra ao Mérito pela liberação das cultivares RB863129, RB872552, RB932520, RB943365 e RB943538 pela Universidade Federal Rural de Pernambuco.

Em junho 2008 recebeu Honra ao Mérito, egresso do PPGA, sucesso profissional e pela contribuição para desenvolvimento técnico-científico do Estado de Pernambuco, Universidade Federal Rural de Pernambuco.

Em 2010, iniciou o Curso de Doutorado em Agronomia, Área de Concentração em Produção Vegetal, no Departamento de Fitotecnia e Fitossanitarismo da Universidade Federal do Paraná (UFPR). Em julho de 2014 concluiu Tese na UFPR.

RESUMO

A seleção de genótipos superiores é o aspecto mais importante e crítico dos programas de melhoramento clássico da cana-de-açúcar. Esta prática constitui uma série de fases aplicadas a diferentes parâmetros, sendo praticada em caracteres indiretos de produção, correlacionados com o caráter principal toneladas de cana por hectare (TCH) que apresenta baixa herdabilidade, exercida no primeiro cultivo em áreas relativamente grandes com milhares de *seedlings*, sem repetições, o que conduz uma baixa precisão experimental, que após o processo seletivo alguns genótipos são selecionados para posterior fase, apresentando grande percentual de descarte, transformando a seleção em nível de campo em um processo longo de 12 a 15 anos, com atividades dispendiosas para desenvolver uma nova cultivar de cana-de-açúcar. O objetivo deste trabalho foi propor e validar um novo sistema de seleção pelo vigor da planta nas fases iniciais do programa de melhoramento genético da cana-de-açúcar, em um Sistema Simplificado de Seleção (SSS): i) introduzir um novo modelo de seleção antecipada antes das etapas de campo; ii) identificar progênies ou clones superiores, em uma população inicial de *seedlings*; iii) comparar a seleção de progênies e de indivíduos de cana-de-açúcar no Sistema Simplificado de Seleção com o sistema tradicional; iv) avaliar os avanços genéticos esperados pela seleção fenotípica antecipada sobre a eficiência da seleção de populações dentro de progênies. Dois estudos foram realizados. O primeiro em Carpina-PE com uma abordagem fenotípica e o segundo em Paranaíba-PR com uma abordagem genética. Os estudos foram realizados em quatro etapas consecutivas com a mesma população amostrada: a) cruzamentos genéticos; b) Semeio da cariopse (semente verdadeira) em caixas; c) seleção antecipada de *seedlings* e transplante para garrafas pet; d) seleção nas garrafas pet, clonagem e plantio em campo. Avaliou-se os seguintes caracteres: estatura de colmo, diâmetro de colmo, número de colmos, brix e massa de colmo. A seleção fenotípica foi realizada em plantas individuais formando grupos pelo vigor da planta. Os resultados indicaram que a seleção antecipada realizada em *seedlings* antes das etapas de campo pode ser usada como ferramenta de fácil execução na fase inicial do melhoramento da cana-de-açúcar. Na abordagem fenotípica, através das análises descritivas e de correlações simples, as análises pelo Teste t revelaram efeito altamente significativo $p < 0,01$ entre os grupos para a maioria dos caracteres estudados. Houve concordância da seleção de genótipos dos grupos com base no vigor das plantas. Na abordagem genética, as análises de correlações, concordância e do índice de coincidência dos valores genéticos preditos estimados, foi possível identificar as melhores progênies, permitindo a seleção e o descarte de genótipos já antes das etapas de avaliação em campo. A seleção antecipada de população dentro das progênies foi eficiente para identificar as melhores plantas, com avanços genéticos esperados estimados em cerca de duas vezes superiores a população intermediária. A eficiência de seleção estimada pela relação da acurácia e o tempo, foi 25% superior para seleção em garrafas pet e de 50% superior para o T1 clonal em comparação com o T1 tradicional.

Palavras-chave: *Saccharum* spp., melhoramento, avanços genéticos, T1 clonal.

SIMPLIFIED SYSTEM SELECTION FOR INITIAL PHASE OF BREEDING OF CANE SUGAR

ABSTRACT

The selection of superior genotypes is the most important and critical of breeding programs cane classic look. This practice is a series of stages applied to different parameters, being practiced in indirect production traits correlated with the main character tons of cane per hectare (TCH) that has low heritability, exercised in the first cultivation in fairly large areas with thousands of seedlings without repetitions, leading a low experimental precision, that after the selection process some genotypes are selected for later stage, showing large percentage of disposal, making the selection at the field level in a long process of 12 to 15 years, with activities expensive to develop a new cultivar of cane sugar. The objective of the study was to develop and validate a new screening system for plant vigor in the early stages of the breeding program of cane sugar, in a Simplified System Selection (SSS): i) introduce a new model selection early steps before field; ii) identify superior clones or progenies in an initial population of seedlings; iii) to compare the selection of progenies and individuals of cane sugar Simplified Selection System with the traditional system; iv) evaluate genetic advances expected by early phenotypic selection on the efficiency of selection of populations within progenies. Two studies were conducted. The first in Carpina-PE with a phenotypic approach and the second in Paranavaí-PR with a genetic approach. The studies were conducted in four consecutive steps with the same sample population: a) genetic crosses; b) Seeding caryopsis (true seed) boxes; c) early selection of seedlings and transplants for plastic bottles; d) Selection in pet bottles, cloning and planting in the field. We evaluated the following characters: stem height, stem diameter, number of stems, stem brix and mass. Phenotypic selection was performed on individual plants forming groups by plant vigor. The results indicated that early selection performed in seedlings before the steps of field can be used as an easy tool in the initial implementation phase of improvement of cane sugar. In phenotypic approach, through descriptive analysis and simple correlations, the analyzes by t test revealed highly significant effect $p < 0.01$ between groups for most characters. There was agreement on the selection of genotypes of groups based on plant vigor. In the genetic approach, the analysis of correlations and concordance index of coincidence of the estimated breeding values, it was possible to identify the best progenies, allowing selection and discarding genotypes already before the stages of field evaluation. Early selection of population within the progenies was efficient to identify the best plants, with genetic advances expected estimated at about two times higher than the intermediate population. The selection efficiency estimated by the ratio of the time and accuracy was 25% higher for selection in pet bottles and 50% higher for T1 clonal compared with traditional T1.

Key words: *Saccharum* spp., breeding, genetic advances, T1 clone.

LISTA DE FIGURAS

REVISÃO DE LITERATURA

Figure 1. Esquemas básicos para a geração de clones superiores em cana-de-açúcar (RESENDE; BARBOSA, 2005). Esquema sem teste de famílias e com seleção massal (a), esquema com teste de famílias e sem medições individuais (b).....46

Figure 2. Esquema de SRI implícito para o melhoramento da cana-de-açúcar (RESENDE; BARBOSA, 2005).52

CAPÍTULO I – ABORDAGEM FENOTÍPICA NO SISTEMA SIMPLIFICADO DE SELEÇÃO EM CANA-DE-AÇÚCAR

Figura 1. Sistema Simplificado de Seleção, A) População trabalhada, B) Seleção visual antecipada-SVA e C) Qualificação dos *seedlings* aos 90 dias após germinação; SQ - *seedlings* de maior vigor; SNQ – *seedlings* de menor vigor, Carpina, PE. 2011.75

Figura 2. Transplante dos *seedlings* para garrafas pet (A); Desenvolvimento dos *seedlings* em área aberta (B), Carpina, PE. 2011.76

Figura 3. Plantas com 180 dias de transplante, cortadas para cada indivíduo e plantio do T1 colmo em campo, Goiana, PE. 2011.77

CAPÍTULO II- ABORDAGEM GENÉTICA DO SISTEMA SIMPLIFICADO DE SELEÇÃO EM CANA-DE-AÇÚCAR

Figura 1. Qualificação dos grupos de plantas pelo vigor: A) Desenvolvimento dos *seedlings* 103 dias após germinação, B) Individualização dos *seedlings*, C) Seleção antecipada de *seedlings* com a qualificação dos grupos de plantas pelo vigor: *seedlings* qualificados (SQ) plantas com maior vigor, *seedlings* intermediários (SI) plantas com vigor intermediário e *seedlings* não qualificados (SNQ) plantas com o menor vigor, Paranavaí, PR. 2013.....96

Figura 2. Transplante para pet (A), desenvolvimento dos *seedlings* em área aberta (B), Paranavaí, PR. 2013.97

Figura 3. Distribuição dos efeitos genéticos preditos e correlações das progênes das variáveis: massa verde (MC), (A) entre a seleção em Pet (P) e a seleção no Tradicional (T), (B) entre a seleção em Pet (P) e a seleção no Clonal (C), (C) entre a seleção no Clonal (C) e a seleção no Tradicional (T); estatura do colmo principal (EC), (D) entre a seleção em Pet (P) e a seleção no Tradicional (T), (E) entre a seleção em Pet (P) e a seleção no Clonal (F), (C) entre a seleção no Clonal (C) e a seleção no Tradicional (T), Paranavaí, PR. 2013..... 110

Figura 4. Distribuição dos efeitos genéticos preditos e correlações das progênes das variáveis: número de colmos (NC), (G) entre a seleção em Pet (P) e a seleção no Tradicional (T), (H) entre a seleção em Pet (P) e a seleção no Clonal (C), (I) entre a seleção no Clonal (C) e a seleção no Tradicional (T); diâmetro do colmo principal (EC), (J) entre a seleção em Pet (P) e a seleção no Tradicional (T), (K) entre a seleção em Pet (P) e a seleção no Clonal (F), (L) entre a seleção no Clonal (C) e a seleção no Tradicional (T), Paranavaí, PR. 2013. 111

Figura 5. Distribuição dos efeitos genéticos preditos e correlações das progênes das variáveis: brix do colmo principal (BX), (M) entre a seleção em Pet (P) e a seleção no Tradicional (T), (N) entre a seleção em Pet (P) e a seleção no Clonal (C), (O) entre a seleção no Clonal (C) e a seleção no Tradicional (T); do produto da MC x BX (MB), (P) entre a seleção em Pet (P) e a seleção no Tradicional (T), (Q) entre a seleção em Pet (P) e a seleção no Clonal (F), (R) entre a seleção no Clonal (C) e a seleção no Tradicional (T), Paranavaí, PR. 2013. 112

LISTA DE TABELAS

CAPÍTULO I – ABORDAGEM FENOTÍPICA NO SISTEMA SIMPLIFICADO DE SELEÇÃO EM CANA-DE-AÇÚCAR

Tabela 1. Relação dos cruzamentos biparentais (BP), múltiplos (MP) e de autofecundação (Self-POP), Devaneio, PE. 2010 74

Tabela 2. Análise do composto contendo torta de filtro e cinza na proporção 3:1, Carpina, PE. 2010 74

Tabela 3. População inicial, percentuais de *seedlings* qualificados (SQ), não qualificados (SNQ) e de morte (M) na seleção antecipada de *seedlings* (SAS), na seleção antecipada de colmos (SAC) e na seleção do T1 colmo (ST1C), Carpina, PE. 2011 78

Tabela 4. Resumo da aplicação do teste t entre os grupos de *seedlings* qualificados (SQ-plantas com maior vigor) e não qualificados (SNQ-plantas de menor vigor) na seleção antecipada de colmos (SAC) e na seleção do T1 colmo (ST1C), com estimativas das médias, desvio padrão (Dp), coeficiente de variação (CV) e número de plantas (NP), para os caracteres número de colmos (NC), estatura do colmo principal (EC) em cm, diâmetro do colmo principal (DC) em mm, brix do colmo principal (BX) em percentual e massa verde do genótipo (MC), em gramas, Carpina, PE. 2011 79

Tabela 5. Estimativas de correlações simples entre os grupos de *seedlings* qualificados (SQ) de maior vigor e não qualificados (SNQ) de menor vigor na seleção aos 180 dias após transplante para “pet” e aos 360 dias após plantio em campo, para as variáveis números de colmos (NC), estatura média do colmo principal (EC), diâmetro do colmo principal (DC) e de massa verde do genótipo (MC), Carpina, PE. 2011 83

CAPÍTULO II- ABORDAGEM GENÉTICA DO SISTEMA SIMPLIFICADO DE SELEÇÃO EM CANA-DE-AÇÚCAR

Tabela 1. Análise do composto, formado por torta de filtro e substrato (MECPLANT), Paranaíba, PR. 2013	94
Tabela 2. Cruzamentos, genitores feminino e masculino, metodologias de seleção, tipo de cruzamento e código da progênie utilizada para formação da população inicial da pesquisa, Paranaíba, PR. 2013	95
Tabela 3. Ordenamento das progênies com a correlação linear, concordância da distribuição dos efeitos genéticos preditos (g) e o índice de coincidência (IC) com intensidade de seleção de 20 e 30% da variável massa verde (MC), no sistema de seleção em pet (P), no T1 clonal (C) e no T1 tradicional (T), Paranaíba, PR. 2013	104
Tabela 4. Ordenamento das progênies com a correlação linear, concordância da distribuição dos efeitos genéticos preditos (g) e o índice de coincidência (IC) com intensidade de seleção de 20 e 30% da variável estatura do colmo principal (EC), na seleção em pet (P), no T1 clonal (C) e no T1 tradicional, Paranaíba, PR. 2013	105
Tabela 5. Ordenamento das progênies com a correlação linear, concordância da distribuição dos efeitos genéticos preditos (g) e o índice de coincidência (IC) com intensidade de seleção de 20 e 30% da variável número de colmo (NC), na seleção em pet (P), no T1 clonal (C) e no T1 tradicional (T), Paranaíba, PR. 2013	106
Tabela 6. Ordenamento das progênies com a correlação linear, concordância da distribuição dos efeitos genéticos preditos (g) e o índice de coincidência (IC) com intensidade de seleção de 20 e 30% da variável diâmetro do colmo principal (DC), na seleção em pet (P), no T1 clonal (C) e no T1 tradicional (T), Paranaíba, PR. 2013	107
Tabela 7. Ordenamento das progênies com a correlação linear, concordância da distribuição dos efeitos genéticos preditos (g) e o índice de coincidência (IC) com intensidade de seleção de 20 e 30% da variável brix do colmo principal (BX), na seleção em pet (P), no T1 clonal (C) e no T1 tradicional (T), Paranaíba, PR. 2013	108
Tabela 8. Ordenamento das progênies com a correlação linear, concordância da distribuição dos efeitos genéticos preditos (g) e o índice de coincidência (IC) com intensidade de seleção de 20 e 30% da variável do produto MC x BX (MB), na seleção em pet (P), no T1 clonal (C) e no T1 tradicional, Paranaíba, PR. 2013	109
Tabela 9. Estimativa dos componentes de variância e parâmetros genéticos, para as variáveis massa verde da touceira (MC), número de colmos por touceira (NC), diâmetro de colmo principal (DC), estatura de colmo principal (EC), brix do colmo principal (BX) e o produto da massa verde MC x BX (MB) de 21 progênies na pet, Paranaíba, PR. 2013	114

Tabela 10. Estimativa dos componentes de variância e parâmetros genéticos, para as variáveis massa verde da touceira (MC), número de colmos por touceira (NC), diâmetro de colmo principal (DC), estatura de colmo principal (EC), brix do colmo principal (BX) e o produto da massa verde MC x BX (MB) de 21 progênes no T1 clonal, Paranaíba, PR. 2013..... 115

Tabela 11. Estimativa dos componentes de variância e parâmetros genéticos, para as variáveis massa verde da touceira (MC), número de colmos por touceira (NC), diâmetro de colmo principal (DC), estatura de colmo principal (EC), brix do colmo principal (BX) e o produto da massa verde MC x BX (MB) de 21 progênes no T1 tradicional, Paranaíba, PR. 2013 116

Tabela 12. Avanços genéticos esperados (AGE-%) do caráter massa verde (MC) nas populações constituídas pelos *seedlings* qualificados (SQ) pelas plantas de maior vigor, pelos *seedlings* identificados pelas plantas com vigor intermediário (SI) e os *seedlings* não qualificados (SNQ) pelas plantas de menor vigor, avaliados em nível de planta na seleção fenotípica antes das etapas de campo na pet e no T1 clonal, Paranaíba, PR. 2013 123

Tabela 13. Avanços genéticos esperados (AGE-%) do caráter número de colmo por touceira (NC) nas populações constituídas pelos *seedlings* qualificados (SQ) pelas plantas de maior vigor, pelos *seedlings* identificados pelas plantas com vigor intermediário (SI) e os *seedlings* não qualificados (SNQ) pelas plantas de menor vigor, avaliados em nível de planta na seleção fenotípica antecipada antes das etapas de campo na pet e no T1 clonal, Paranaíba, PR. 2013 123

Tabela 14. Avanços genéticos esperados (AGE-%) do caráter estatura do colmo principal (EC) nas populações constituídas pelos *seedlings* qualificados (SQ) pelas plantas de maior vigor, pelos *seedlings* identificados pelas plantas com vigor intermediário (SI) e os *seedlings* não qualificados (SNQ) pelas plantas de menor vigor, avaliados em nível de planta na seleção fenotípica antecipada antes das etapas de campo na pet e no T1 clonal, Paranaíba, PR. 2013 123

Tabela 15. Avanços genéticos esperados (AGE-%) do caráter diâmetro do colmo principal (DC) nas populações constituídas pelos *seedlings* qualificados (SQ) pelas plantas de maior vigor, pelos *seedlings* identificados pelas plantas com vigor intermediário (SI) e os *seedlings* não qualificados (SNQ) pelas plantas de menor vigor, avaliados em nível de planta na seleção fenotípica antecipada antes das etapas de campo na pet e no T1 clonal, Paranaíba, PR. 2013 124

Tabela 16. Avanços genéticos esperados (AGE-%) do caráter brix do colmo principal (BX) nas populações constituídas pelos *seedlings* qualificados (SQ) pelas plantas de maior vigor, pelos *seedlings* identificados pelas plantas com vigor intermediário (SI) e os *seedlings* não qualificados (SNQ) pelas plantas de menor vigor, avaliados em nível de planta na seleção fenotípica antecipada antes das etapas de campo na pet e no T1 clonal, Paranaíba, PR. 2013 124

Tabela 17. Avanços genéticos esperados (AGE-%) do caráter do produto MC x BX (MB) nas populações constituídas pelos <i>seedlings</i> qualificados (SQ) pelas plantas de maior vigor, pelos <i>seedlings</i> identificados pelas plantas com vigor intermediário (SI) e os <i>seedlings</i> não qualificados (SNQ) pelas plantas de menor vigor, avaliados em nível de planta na seleção fenotípica antecipada antes das etapas de campo na pet e no T1 clonal, Paranaíba, PR. 2013	124
--	-----

Tabela 18. Avanços genéticos esperados (AGE-%) dos caracteres massa verde da touceira (MC), número de colmo da touceira (NC), estatura do colmo principal (EC), diâmetro do colmo principal (DC), brix (BX) do colmo principal e do produto MC x BX (MB) nas populações constituídas pelos <i>seedlings</i> qualificados (SQ) pelas plantas de maior vigor, pelos <i>seedlings</i> identificados pelas plantas com vigor intermediário (SI) e os <i>seedlings</i> não qualificados (SNQ) pelas plantas de menor vigor, avaliados em nível de planta na seleção fenotípica no T1 tradicional, Paranaíba, PR. 2013	126
--	-----

Tabela 19. Eficiência de seleção dada pela razão da acurácia seletiva das progênes (Ac _{prog}) pelo tempo (T) entre a seleção na fase inicial no T1 tradicional, pet e T1 clonal, com avaliação em plantas individuais para os caracteres massa verde (MC), número de colmos (NC), estatura de colmo (EC), diâmetro de colmo (DC), brix (BX) e pelo produto da MC x BX (MB), Paranaíba, PR. 2013	128
--	-----

ANEXOS

Tabela 1. Média mensal de três anos (2010/2013) de elementos agrometeorológicos da EECAC – Pernambuco, nas coordenadas 07° 35' de latitude sul e 34° 15' de longitude, 180 metros de altitude	137
---	-----

Tabela 2. Média mensal de três anos (2010/2013) de elementos agrometeorológicos de Goiana – Pernambuco, nas coordenadas 08° 19,8' de latitude sul e 35° 24,8' de longitude, 15 metros de altitude	137
---	-----

Tabela 3. Série histórica de 1975/2013 da estação de Agrometeorologia do IAPAR – Paranaíba, código: 02352017, nas coordenadas 23° 05' de latitude sul e 52° 26 de longitude, 480 metros de altitude	138
---	-----

Tabela 4. Resultados das análises químicas e granulométrica, Estação Experimental de Paranaíba, SCA-UFPR	138
--	-----

Tabela 5. Análise de “Deviance” para o caráter massa verde na seleção em pet.....	138
---	-----

Tabela 6. Análise de “Deviance” para o caráter número de colmos por touceira na seleção em pet	138
--	-----

Tabela 7. Análise de “Deviance” para o caráter estatura do colmo principal na seleção em pet	139
Tabela 8. Análise de “Deviance” para o caráter diâmetro do colmo principal na seleção em pet	139
Tabela 9. Análise de “Deviance” para o caráter brix do colmo principal na seleção em pet.	139
Tabela 10. Análise de “Deviance” para o caráter do produto massa verde pelo brix na seleção em pet	139
Tabela 11. Análise de “Deviance” para o caráter massa verde na seleção no T1 clonal	139
Tabela 12. Análise de “Deviance” para o caráter número de colmo por touceira na seleção no T1 clonal	140
Tabela 13. Análise de “Deviance” para o caráter estatura do colmo principal na seleção no T1 clonal	140
Tabela 14. Análise de “Deviance” para o caráter diâmetro do colmo principal na seleção no T1 clonal	140
Tabela 15. Análise de “Deviance” para o caráter brix do colmo principal na seleção no T1 clonal	140
Tabela 16. Análise de “Deviance” para o caráter do produto da massa verde pelo brix na seleção no T1 clonal	141
Tabela 17. Análise de “Deviance” para o caráter massa verde da touceira na seleção no T1 tradicional	141
Tabela 18. Análise de “Deviance” para o caráter número do colmo na touceira na seleção no T1 tradicional	141
Tabela 19. Análise de “Deviance” para o caráter estatura do colmo principal na seleção no T1 tradicional	141
Tabela 20. Análise de “Deviance” para o caráter diâmetro do colmo principal na seleção no T1 tradicional	142
Tabela 21. Análise de “Deviance” para o caráter brix do colmo principal na seleção no T1 tradicional	142

Tabela 22. Análise de “Deviance” para o caráter do produto da massa verde pelo brix na seleção no T1 tradicional.....	142
---	-----

LISTA DE ABREVIATURAS E SÍMBOLOS

- AC_{prog} - Acurácia da seleção de progênies;
- AGE – Avanços genéticos esperados;
- BX – Sólidos solúveis totais (Brix);
- C – T1 clonal;
- Cdet – Coeficiente de determinação.
- Co – Concordância;
- C_{parc}^2 - Coeficiente de determinação dos efeitos de parcela;
- C_{proc}^2 - coeficiente de determinação dos efeitos de populações;
- Cvar – Componentes de variância;
- CV - Coeficiente de variação;
- CV_g - Coeficiente de variação genético;
- CV_e - Coeficiente de variação ambiental;
- CV_g/CV_e - Relação do coeficiente de variação genético pelo coeficiente variação ambiental;
- DC – Diâmetro do colmo principal da touceira;
- Dp - Desvio padrão;
- EC – Estatura do colmo principal da touceira;
- Ef – Eficiência de seleção;
- Ef – Eficiência de seleção;
- g – Efeitos genéticos preditos;
- g₁ - Valor da acurácia;
- g₂ - Valor da acurácia;
- h_a^2 - Herdabilidade individual no sentido restrito;
- h_{ad}^2 - Herdabilidade aditiva dentro de parcela;
- h_{mp}^2 - Herdabilidade média das progênies;
- IC – Índice de conhecidência;
- IS – Intensidade de seleção;
- MB – Produto da massa verde da touceira pelo brix;

MC – Massa verde da touceira;

MPB - Mudas pré-brotadas;

NC – Número de colmos da touceira;

P – Pet;

S1 – Genótipos de autofecundação;

SAC – Seleção antecipada de colmos, realizada em garrafas pet;

SAS – Seleção antecipada de *seedlings* aos 90 dias após o semeio;

SC – Seleção clonal;

SSS – Sistema Simplificado de seleção;

SI – *Seedlings* intermediários, plantas com vigor intermediário;

SNQ – *Seedlings* não qualificados, plantas com menor vigor;

SQ – *Seedlings* qualificados, plantas com maior vigor;

ST1C – Seleção do T1 do colmo, 1ª seleção realizada em campo no Sistema Simplificado de Seleção, em genótipos com repetição já cronados;

SVA – Seleção visual antecipada;

T – T1 Tradicional;

T1 – Primeira fase de seleção no melhoramento clássico da cana-de-açúcar dos *seedlings* oriundos de sementes verdadeiras (cariopse);

T1C – Primeira fase de seleção no Sistema Simplificado de Seleção em campo, com genótipos com repetição já cronados;

T2 – Segunda fase de seleção com genótipos clonados;

$u + g$ - Média genotípica ou valores genotípicos;

V_e - Variância residual;

V_{dentro} - Variância residual dentro de parcela;

V_f - Variância fenotípica individual;

V_g - Variância genotípica entre progênies;

V_{parc} - Variância ambiental entre parcelas;

X^2 - (Qui-quadrado);

SUMÁRIO

1.	INTRODUÇÃO	22
2	REVISÃO DE LITERATURA	24
2.1	Importâncias do agronegócio da cana-de-açúcar	24
2.2	Base genética da cana-de-açúcar	27
2.3	MELHORAMENTO GENÉTICO NAS FASES INICIAIS DE SELEÇÃO EM CANA-DE-AÇÚCAR	29
2.3.1	Processo de seleção	29
2.3.2	Seleção de progênies	31
2.3.3	Seleção individual	34
2.3.4	Seleção em grupo (<i>Bunch</i>)	36
2.3.5	Tamanho da população inicial	37
2.4	PARÂMETROS GENÉTICOS E CARACTERES CORRELACIONADOS	37
2.4.1	Herdabilidade	38
2.4.2	Correlação entre caracteres	40
2.5	EVOLUÇÃO DOS PROGRAMAS DE MELHORAMENTO GENÉTICO DA CANA-DE-AÇÚCAR	42
2.5.1	Programa de melhoramento genético da RIDESA	45
2.5.2	Primeira Fase de Seleção (T1)	47
2.5.3	Segunda Fase de Seleção (T2)	48
2.5.4	Terceira Fase de Seleção (T3)	48
2.5.5	Fase de Multiplicação (FM)	48
2.5.6	Fase Experimental (FE)	49
2.6	IMPORTÂNCIA ECONÔMICA DOS PROGRAMAS DE MELHORAMENTO GENÉTICO DA CANA-DE-AÇÚCAR	50
2.7	CONTRIBUIÇÃO DO MELHORAMENTO GENÉTICO DA CANA-DE-AÇÚCAR	50

2.8	METODOLOGIAS EMPREGADAS NO MELHORAMENTO DA CANA-DE-AÇÚCAR	51
2.8.1	Técnicas Convencionais	51
2.8.2	Seleção recorrente	52
2.8.3	Outras Metodologias	53
2.9	METODOLOGIAS DOS MODELOS MISTOS NO MELHORAMENTO DE PLANTAS	54
	REFERÊNCIAS	57
3.	CAPÍTULO I – ABORDAGEM FENOTÍPICA NO SISTEMA SIMPLIFICADO DE SELEÇÃO EM CANA-DE-AÇÚCAR	71
	RESUMO	71
	ABSTRACT	71
3.1	Introdução	72
3.2	Material e Métodos	73
3.3	Resultados e Discussão	77
3.4	Conclusão	84
	REFERÊNCIAS	85
4	CAPÍTULO II- SISTEMA SIMPLIFICADO DE SELEÇÃO EM CANA-DE-AÇÚCAR UMA ABORDAGEM GENÉTICA	87
	RESUMO	87
	ABSTRACT	88
4.1	Introdução	89
4.2	Material e Métodos	92
4.2.1	Locais da pesquisa	92
4.2.2	Etapas de trabalho e experimentos	92
4.2.3	Métodos de melhoramento, população base e cruzamentos	93
4.2.4	Semeio para formação da população do sistema SSS e do tradicional	94
4.2.5	Seleções visual antecipada de <i>seedlings</i> - SAS	95

4.2.6 Seleções fenotípica antecipada de colmos - SAC.	97
4.2.7 Plantios do T1 clonal em campo.	98
4.2.8 Metodologia Tradicional	99
4.2.9 Avaliações e análises genéticas estatísticas.....	101
4.3 RESULTADOS E DISCUSSÃO	102
4.3.1 Correlações simples, concordância e índice de coincidência da seleção	102
4.3.2 Estimativas dos componentes de variância e dos parâmetros genéticos	113
4.3.3 Avanços genéticos esperados com a seleção de populações dentro das progênies e a eficiência dada pela razão da acurácia pelo tempo.....	122
4.4 CONCLUSÕES	129
REFERÊNCIAS	130
5 CONSIDERAÇÕES FINAIS	135
ANEXOS.....	137

1. INTRODUÇÃO

A seleção de genótipos superiores é o aspecto mais importante e crítico dos programas de melhoramento clássico da cana-de-açúcar (*Saccharum* spp.) e é caracterizada por um processo longo de 12 a 15 anos, com atividades dispendiosas para desenvolver uma nova cultivar de cana-de-açúcar.

Essa prática constitui uma série de fases aplicadas a diferentes parâmetros, sendo praticada em caracteres indiretos de produção, correlacionados com o caráter principal toneladas de cana por hectare (TCH) que apresenta baixa herdabilidade exercida no primeiro cultivo em áreas relativamente grandes com milhares de *seedlings* e sem repetições, o que conduz a uma baixa precisão experimental. Após o processo seletivo alguns genótipos são selecionados para posterior fase, apresentando grande percentual de descarte, transformando a seleção em nível de campo em uma tarefa laboriosa.

Considerando todos estes aspectos e tomando como base a etapa inicial do melhoramento clássico da cana-de-açúcar existe um ponto chave que é de caráter genético, que se consolida após a germinação das cariopses com a formação da planta. Dessa maneira o melhorista tem uma dependência genética intrínseca à planta, cabendo apenas aos programas de melhoramento, através dos processos seletivos, confrontar essas plantas com as atuais cultivares comerciais, tanto nos aspectos agroindustriais como fitossanitários e, quando superiores, cloná-las e em fases seguintes de experimentação até a obtenção dos resultados suficientes para sua liberação aos produtores.

Com base nessas considerações, a seleção em populações segregantes de cana-de-açúcar a qual ocorre em nível de indivíduo que pode ser clonado, assume um papel emblemático para a maioria dos estudos realizados para melhorar essa prática. E até então, não tem existido uma abordagem eficiente e aplicável rotineiramente para selecionar indivíduos e que permitisse a melhoria do processo de seleção em sua base, tornando-se assim uma etapa do programa passível de ser melhorada por uma análise crítica dos atuais procedimentos utilizados neste processo.

Assim, os melhoristas de cana-de-açúcar têm assumido um papel de destaque e de grande importância no melhoramento clássico da cana-de-açúcar, pois a seleção dos genótipos tem sido dependente da subjetividade e do conhecimento tácito destes melhoristas, em fazer com mérito o mais simples, o que reflete cada vez mais no sucesso de predizer as futuras cultivares.

Dessa feita, nesse estudo uma nova proposta de seleção aliada a subjetividade e ao conhecimento tácito dos melhoristas, foi aplicada no melhoramento clássico da cana-de-açúcar denominada de Sistema Simplificado de Seleção que atua no ponto mais crítico, na seleção, antes das etapas de campo, que considera o tamanho da população, o espaço, a mão de obra e tempo necessários para avaliar plantas individuais e progênes, e ainda que permita a aplicação efetiva de análise genética estatística.

Diante do exposto, este estudo é a primeira fundamentação teórica dessa prática, que teve como objetivo, propor e validar um novo sistema de seleção pelo vigor da planta nas fases iniciais do programa de melhoramento genético da cana-de-açúcar, em um Sistema Simplificado de Seleção (SSS): i) introduzir um novo modelo de seleção antecipada antes das etapas de campo; ii) identificar progênes ou clones superiores, em uma população inicial de *seedlings*; iii) comparar a seleção de progênes e de indivíduos de cana-de-açúcar no Sistema Simplificado de Seleção com o sistema tradicional; iv) avaliar os avanços genéticos esperados pela seleção fenotípica antecipada sobre a eficiência da seleção de populações dentro de progênes

*Seedlings*¹ - O termo *seedlings*, botanicamente, corresponde ao estágio de plântula apenas (antes da formação da terceira folha). Por convenção, nos centros de melhoramento da cana-de-açúcar, consideram-se *seedlings* também os indivíduos em desenvolvimento no campo originários desta plântula. Por isso, a planta avaliada na etapa T1 de seleção é também denominada de *seedlings*.

2 REVISÃO DE LITERATURA

2.1 Importâncias do Agronegócio da Cana-de-açúcar

Na história do Brasil, a importância da cana-de-açúcar está presente desde o seu descobrimento. O primeiro grande empreendimento para o estabelecimento da cultura foi efetuado quando os primeiros colonizadores lusitanos comandados por Martin Afonso de Souza aportaram em terras brasileiras, no início do século XVI, trazendo mudas de cana-de-açúcar da Ilha da Madeira (JUNQUEIRA; DANTAS, 1964)

No entanto, de acordo com Peixoto (1973) a história da cana-de-açúcar pode ter se iniciado antes mesmo da colonização, uma vez que há registros de que a primeira exportação de açúcar para a metrópole portuguesa a partir de Pernambuco ocorrera no ano de 1521.

Difícilmente se imaginaria que, cinco séculos depois, o Brasil seria o maior produtor mundial desta cultura. Posteriormente, Portugal transformou esse imenso território em uma colônia agroindustrial do açúcar, com grande retorno econômico que ocorreu a princípio com a criação de engenhos nos Estados de Pernambuco e Bahia. No fim do século XVI, os dois Estados contavam com mais de uma centena de engenhos, liderando a produção mundial de açúcar com grande introdução no mercado Europeu na década de 1650.

Historicamente, a cana-de-açúcar é a lavoura mais antiga do Brasil e sempre foi um dos principais produtos agrícolas. Apresenta saldo positivo nos aspectos ambiental, cambial, econômico e energético, indicando ser cada vez mais sustentável. O País tem a primeira posição em área no ranking mundial da cultura (FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION CORPORATE STATISTICAL DATABASE - FAOSTAT, 2013).

Além disso, a crescente necessidade de ampliar de modo sustentável o uso de fontes renováveis de energia para proporcionar maior segurança ao suprimento energético e reduzir os impactos ambientais associados aos combustíveis fósseis, fez com que a cana-de-açúcar fosse apontada como uma fonte de energia limpa para a cogeração de eletricidade e produção de etanol celulósico a partir do bagaço (HOFSETZ; SILVA, 2012).

A posição privilegiada do Brasil no ranking de produção de cana-de-açúcar em nível mundial é decorrente da adoção de práticas agrícolas avançadas aliadas a eficientes Programas de Melhoramento Genético da referida cultura, tendo como consequência o

surgimento de novos genótipos com elevados teores de açúcar, altamente produtivos, alocados em diferentes ambientes de produção, gerando maior sustentabilidade.

A cana-de-açúcar é uma espécie vegetal de grande importância para a agricultura mundial e brasileira. Devido à sua maior eficiência fotossintética e de sua capacidade para armazenar sacarose é a cultura mais produtiva no mundo. Contribui com 75% do total do açúcar produzido no mundo, sendo os 25% restantes produzidos a partir de beterraba açucareira (*Beta vulgaris* L.). A alta produção de biomassa em toneladas de cana por hectare faz dessa cultura um dos produtos do setor primário agrícola mais interessante em nível global, útil não só em alimentos, mas também na criação de insumos para as indústrias de bioenergia e químicas. Seu cultivo ocupa uma área de 25,4 milhões de hectares em mais de 130 países, sendo uma das maiores áreas plantadas no mundo, alcançando uma produção de 1,8 bilhões toneladas, (FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION CORPORATE STATISTICAL DATABASE - FAOSTAT, 2013).

A cana-de-açúcar tem grande importância econômica devido ao valor comercial de seus produtos, principalmente açúcar, etanol e eletricidade. Ao mesmo modo, gera melaço, aguardente, bagaço, levedura, torta de filtro, vinhaça, composto fertilizante, gás carbônico, ácido cítrico, lisina, briquetes, aglomerados MDF e muitos outros produtos (BNDES/CGEE, 2008).

A produtividade média mundial de cana-de-açúcar é de cerca de 80 t ha⁻¹ (WACLAWOVSKY et al., 2010), entretanto, rendimentos teóricos são estimados em cerca de 470 t ha⁻¹ de matéria seca ou 805 t ha⁻¹ de cana fresca por ano (YADAV et al., 2010; DAL-BIANCO et al., 2012), o que sustenta a hipótese de que ainda é possível o aumento dos rendimentos.

No Brasil, a grande disponibilidade de terra arável e condições edafoclimáticas propícias apresentam-se como vantagens naturais para o cultivo da cana-de-açúcar, o que vem proporcionando a lavoura ser uma das principais atividades agrícolas de muitas regiões do país.

Na safra 2013/2014 o país cultivou 8,8 milhões de hectares; esmagou 658,8 milhões de toneladas de cana e o rendimento médio foi de 74,7 toneladas de cana por hectare (TCH). Foram produzidos 27,96 bilhões de litros de etanol e 38,34 milhões de toneladas de açúcar e o percentual de açúcar total recuperável (ATR) médio obtido foi 134,4 kg/t de cana-de-açúcar (CONAB, 2014).

São Paulo permanece como o maior produtor desta cultura com 51,7% da área plantada (4.552,0 mil hectares), seguido por Goiás com 9,3% (818,4 mil hectares), Minas

Gerais com 8,9% (779,8 mil hectares), Mato Grosso do Sul com 7,4% (654,5 mil hectares), Paraná com 6,7% (586,4 mil hectares), Alagoas com 4,7% (417,5 mil hectares) e Pernambuco com 3,2% (284,6 mil hectares). Estes sete estados são responsáveis por 91,9% da produção nacional. Os demais estados produtores possuem áreas menores, com representações abaixo de 3,0% (CONAB, 2014).

Os produtos do agronegócio segundo Martins et. al (2012), são de grande relevância para o Brasil, seja por sua importância na pauta de exportações, seja pela capacidade de geração de renda, sendo equivalente a cerca de um terço do produto interno bruto brasileiro. As estimativas realizadas pelo Brasil (2013) são de que a área total plantada com lavouras deve passar de 67,0 milhões de hectares em 2013 para 75,5 milhões em 2023. Um acréscimo de 8,6 milhões de hectares. Essa expansão de área está concentrada em soja, mais 6,7 milhões de hectares, e na cana-de-açúcar, mais 2,2 milhões.

Nas questões econômicas, o agronegócio tornou-se fundamental para a capitalização brasileira, tornando-se possível devido ao uso da ciência e da tecnologia na agricultura, destacando-se entre as tecnologias o uso de cultivares melhoradas.

O sucesso da geração de ciência e tecnologia na agricultura é devido a vários fatores, e entre eles está serviço de extensão rural criado em 1960, além das informações repassadas aos agricultores pelos técnicos de empresas de insumos agrícolas, da criação da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA) e de empresas estaduais de pesquisa e, sobretudo, da criação de vários programas de pós-graduação em diferentes áreas das ciências agrárias. A atividade conjunta de empresas estaduais de pesquisa e universidades geraram uma enorme gama de tecnologias e serviços e fizeram do Brasil uma referência em ciência e tecnologia para condições tropicais (RAMALHO et al., 2012).

Na visão econômica da lavoura canavieira na safra brasileira de 2011/2012, Barbosa et. al (2012) estimaram ganho equivalente a 175 milhões de dólares, ou média de 19,40 US\$ ha⁻¹, devido à substituição de cultivares de cana-de-açúcar. A esse respeito, Scortecci et. al (2012) e Nyko et. al (2013) destacam que a evolução da produtividade brasileira se deve, em boa medida, ao desenvolvimento das tecnologias agrícolas de produção, notadamente pela introdução de novas cultivares de cana-de-açúcar, desenvolvidas pelos programas de melhoramento genético. Na realidade, o sucesso do agronegócio depende do melhoramento da cana-de-açúcar.

2.2 Base Genética da Cana-de-açúcar

Segundo Roach e Daniels (1987), a cana-de-açúcar é uma espécie alógama da família *Poaceae*, tribo *Andropogoneae* e do gênero *Saccharum*, para o qual ocorrem seis espécies: *S. officinarum* L. ($2n = 80$), *S. robustum* Brandes e Jeswiet ex Grassl ($2n = 60-205$), *S. barberi* Jeswiet ($2n = 81-124$), *S. sinense* Roxb. ($2n = 111-120$), *S. spontaneum* L. ($2n = 40-128$), e *S. edule* Hassk. ($2n = 60-80$).

Estudos conduzidos por Mukerjee (1957) e por Roach e Daniels (1987) demonstraram que os gêneros *Saccharum*, *Erianthus* sect. *Ripidium*, *Sclerostachya* e *Narenga* formavam um grupo de intercruzamentos envolvidos na origem da cana-de-açúcar, o qual se denominou por “complexo *Saccharum*”. Posteriormente, Roach e Daniels (1987) relataram também *Miscanthus* sect. *Diandra* Keng como pertencente ao complexo, sem o qual seria imprescindível a evolução da cana-de-açúcar.

A origem da cana-de-açúcar ainda hoje é bastante discutida, no entanto, alguns autores relatam que, possivelmente, esta cultura seja originária do sudeste da Ásia (GOMES; LIMA 1964). De acordo com Ethirajan (1987) as cultivares de cana-de-açúcar se enquadram em duas categorias, segundo avaliações históricas e evidências taxonômicas. A primeira categoria se refere às canas “Nobres” tropicais, tendo Nova Guiné como centro de origem primário. Estas canas apresentam colmos espessos, macios, suculentos e doces. A segunda categoria se refere às canas Indianas/Chinesas subtropicais e tem como centro de origem o subcontinente indiano. Essas canas apresentam colmos finos a médios, duros e pouco produtivos.

A espécie *S. officinarum* é conhecida como “cana-nobre” devido ao seu alto teor de açúcar. Apresenta colmos grossos, macios, suculentos e com cores vivas, além de ampla variabilidade para produtividade de colmos e teor de sacarose (SEGALLA, 1964; NAIDU; SREENIVASAN, 1987).

As espécies *S. barberi* e *S. sinense* têm sido cultivadas desde os tempos pré-históricos (ROACH; DANIELS, 1987) e são conhecidas como cana da Índia e cana da China, respectivamente. Estas espécies são tolerantes a estresses ambientais e às principais doenças ocorrentes na cana-de-açúcar. No entanto, seus usos em programas de melhoramento são restritos, devido ao pobre florescimento e baixa fertilidade (NAIDU; SREENIVASAN, 1987).

Diferentemente, *S. robustum* apresenta colmos vigorosos, bastante fibrosos e, geralmente, muito pobres em açúcar (Segalla, 1964). Em seu habitat natural, esta espécie hibridiza-se facilmente com outras espécies e gêneros relacionados, produzindo grandes

populações. Apesar de programas de melhoramento de vários países utilizarem *S. robustum* com o objetivo de aumentar a produtividade de colmos e a quantidade de fibra em cultivares de cana-de-açúcar, o envolvimento desta espécie na evolução de cultivares comerciais é limitado a algumas poucas cultivares havaianas (NAIDU; SREENIVASAN, 1987).

A espécie *S. spontaneum* L. ($2n = 40 - 128$) foi a que mais colaborou para a produção de cultivares adaptadas a diversas condições climáticas e tolerantes às principais doenças (NAIDU; SREENIVASAN, 1987). O possível envolvimento de *Sclerostachya* e *Erianthus* sect. *Ripidium* Henrard na origem de *S. spontaneum* foi sugerido inicialmente. No entanto, esta espécie é provavelmente produto da introgressão entre membros ou protótipos do complexo *Saccharum* (ROACH; DANIELS, 1987).

Considerada uma espécie resultante da introgressão de *S. officinarum* ou *S. robustum* com outros gêneros, *S. edule* Hassk. ($2n = 60 - 80$) se assemelha bastante a esta última espécie (ROACH; DANIELS, 1987; ETHIRAJAN, 1987), embora não tenha contribuído para o desenvolvimento de cultivares nos programas de melhoramento. Apresenta inflorescência comestível, sendo considerada uma olerícola tradicional na Melanésia (ROACH; DANIELS, 1987).

Para Piperidis et. al (2010) e Gouy et. al (2013) as cultivares modernas de cana-de-açúcar são híbridos interespecíficos, que apresentam um genoma com altos graus de poliploidia e aneuploidia e altamente heterozigotos, resultantes de cruzamentos genéticos interespecíficos realizados na primeira metade do século XX entre *S. officinarum* e *S. spontaneum* e têm entre 100 a 130 cromossomos, sendo 80% derivados de *S. officinarum*, 10% de *S. spontaneum* e 10% de recombinantes das duas espécies.

Os mesmos autores ressaltaram ainda que como os genomas de todas essas espécies podem estar participando de alguma forma dos cultivares modernos, sendo a cana-de-açúcar uma das espécies estudadas de maior complexidade genética.

Confirmando a complexidade genética, Garcia et. al (2013) trabalhando com marcadores moleculares de polimorfismo de base única (SNP) e com análise genética estatística através do software SuperMASSA demonstraram através de genética e genômica que a cana-de-açúcar tem um nível de ploidia e de variantes de genes elevado, e que o número de cópias de cada gene da planta pode variar de 6 a 14.

2.3 MELHORAMENTO GENÉTICO NAS FASES INICIAIS DE SELEÇÃO EM CANA-DE-AÇÚCAR

2.3.1 Processo de Seleção

O conceito de seleção é tão antigo quanto a agricultura. Os agricultores sempre selecionaram as melhores plantas coletando suas sementes e depois adaptando as plantas ao ambiente. Esse foi um processo de evolução, assim, no século XIX, as descobertas do naturalista Charles Darwin e um monge agostiniano chamado Gregor Mendel lançaram a base científica do melhoramento vegetal. A teoria de seleção natural de Charles Darwin (1859) explicou o processo da evolução, que tem sido descrito como a “sobrevivência do mais apto”, e Gregor Mendel descobriu (1865) o elo que faltava na teoria de Darwin, o mecanismo da herança.

Em cana-de-açúcar, o processo de seleção do genótipo superior visando sua clonagem inicia-se logo na população segregante, gerada a partir da hibridação de genitores previamente escolhidos. Após a seleção dos genótipos na população segregante, aplica-se às etapas posteriores do programa, o método de melhoramento denominado “seleção clonal”. Neste caso, à medida que ocorre o avanço das gerações, aumenta-se também a quantidade de colmos dos clones selecionados. Este fato possibilita aumentar a precisão experimental e a eficiência da seleção, uma vez que os clones passam a ser avaliados em experimentos com repetição, por vários cortes e em diversos ambientes. Considerando todo esse processo de seleção clonal, o tempo para identificação do genótipo superior fica em torno de 11 a 13 anos (BARBOSA et al., 2005).

Na metodologia empregada nos programas de melhoramento genético da cana-de-açúcar no Brasil e no mundo, existe um ponto em comum. As cultivares liberadas para cultivo comercial foram desenvolvidas por programas clássicos, onde melhoristas usam métodos convencionais de coleta, recombinação e seleção, e, até o momento, não existem informações de cultivares com áreas significativas plantadas comercialmente que não tenham sido desenvolvidas por estes métodos convencionais.

A seleção de genótipos superiores é o aspecto mais importante e crítico dos programas de melhoramento clássico da cana-de-açúcar, caracterizado por um processo longo e dispendioso, e tem sido baseada em nível de indivíduos nos métodos da seleção massal

(MARIOTTI et al., 1999) ou entre famílias seguida por seleção massal (McRAE et al., 1998; COX et al., 2000; KIMBERG; COX, 2003). Este último utiliza a informação de família para seleção e, portanto, são superiores em relação à seleção massal para os caracteres que apresentam herdabilidade baseada nas médias de famílias maior do que a herdabilidade ao nível de plantas individuais.

As tentativas de desenvolvimento de novas cultivares de cana-de-açúcar com altos rendimentos e resistência a doenças estão sendo realizadas por métodos convencionais de melhoramento há 127 anos, desde o primeiro cruzamento genético da cana-de-açúcar dirigido pelo melhorista Friedrich Soltweld na Proefstation Oost Java, Indonésia, em 1887 (BARNES, 1974; CESNIK; MIOCQUE, 2004). A partir de então, os programas convencionais de melhoramento estão sendo executados com sucesso (SCORTECCI et al., 2012) em diferentes institutos de pesquisa de cana-de-açúcar para desenvolver novas cultivares híbridas com alto potencial produtivo, altos teores de açúcar, melhoria na capacidade de rebrota e resistência às doenças.

Diferentes estudos independentes foram realizados nos elementos que compõem todo processo de seleção, como a Seleção Combinada Através de Índices (LUSH, 1947), a Seleção Sequencial Australiana (McRAE et al, 1998; COX et al., 2000), e a Seleção Sequencial Modificada (BRESSIANI, 2001), entretanto não tem existido uma abordagem que permitisse a melhoria do processo de seleção antes das etapas de campo, em sua base, já nas fases iniciais.

Contudo, a complexidade genética da cana-de-açúcar (CARDOSO-SILVA et al., 2014) e ação gênica (BASTOS et al., 2003) aditiva e não-aditiva do caráter principal TCH, aliada com interação complexa com ambiente de milhares de *seedlings* especialmente nas fases iniciais (SKINNER et al., 1987), fez com que essas novas metodologias ficassem subordinadas ao aumento dos trabalhos de campo, o que as condicionaram apenas aos trabalhos relacionadas com atividades de pesquisa, e não rotineiramente aplicadas nos programas tradicionais. Assim, novas ferramentas apresentam até o momento pouco impacto no desenvolvimento de novas cultivares de cana-de-açúcar, viabilizando apenas mais informações complementares sobre as populações.

2.3.2 Seleção de Progênies

No melhoramento da cana-de-açúcar, planta alógama e também de propagação vegetativa, as cultivares ou clones utilizados como genitores são altamente heterozigóticos, o que faz com que uma ampla segregação ocorra logo na primeira geração após a hibridação. Neste caso, uma vez identificado um genótipo superior na primeira geração, este pode ser fixado, permitindo assim que a seleção seja conduzida durante diferentes anos e ambientes, sem que ocorra a sua descaracterização genômica. Com relação à propagação da cana-de-açúcar isto simplifica alguns procedimentos de melhoramento, reduzindo assim, o tempo gasto no desenvolvimento de uma nova cultivar (BARBOSA, et al., 2005).

A propagação vegetativa permite que a seleção para esta lavoura seja realizada em etapas. Existem três etapas importantes na fase inicial, denominadas de T1 (seleção em cana-planta e cana-soca), T2 (seleção em cana-planta e cana-soca) e T3 (seleção em cana-planta e cana-soca). Nestas fases são produzidos milhares de indivíduos heterozigotos, provenientes de hibridações entre genitores previamente selecionados (CESNIK e MIOCQUE, 2004). Na fase T1, a seleção de famílias (progênies) pode ser preferida quando a seleção é praticada com base em caracteres de baixa herdabilidade individual. O processo de seleção torna-se mais efetivo, pois destes caracteres de baixa herdabilidade, quando analisados em estudos de famílias, 75% a 80% da variação fenotípica podem ser explicados devidos aos fatores genéticos (BRESSIANI, 2001).

Na fase inicial ocorrem as principais dificuldades relacionadas com a população base, entre elas podem-se citar o grande número de plantas sem repetição e a seleção fenotípica, praticada em caracteres indiretos de produção, que apresentam baixa herdabilidade, o que contribui para redução da eficiência seletiva. Assim, na busca de selecionar indivíduos superiores, programas de melhoramento têm aplicado a estratégia de trabalhar em nível de famílias, antes da obtenção dos clones, uma vez que, as progênies podem ser repetidas em diferentes locais, melhorando desta forma as estimativas das médias (BRESSIANI, 2001; KIMBERG; COX, 2003). Assim, com base nas médias das progênies, a herdabilidade tem se mostrado superior em relação a herdabilidade com base em plantas individuais (PEDROZO et al., 2011).

Além disso, a seleção de famílias em cana-de-açúcar tem como enfoque identificar aquelas com maior presença de clones superiores, aumentando a probabilidade de encontrar tais clones nas fases iniciais (COX; HOGARTH, 1993). Ao mesmo tempo, os dados obtidos

podem ser usados para inferir sobre o valor genético dos pais com base no desempenho das progênes (COX; STRINGER, 1998; BARBOSA et al., 2005).

A primeira seleção de campo é realizada logo após na população segregante (fase de seleção denominada T1), momento no qual cada genótipo é representado por uma única planta formada por vários colmos denominada de touceira. Nesta fase, milhares de genótipos precisam ser avaliados, podendo proceder com a seleção no ciclo de cana-planta ou cana-soca. A seleção em cana-soca é preferida por alguns programas de melhoramento, sob o argumento que, aparentemente, as diferenças entre os genótipos são mais evidentes neste estágio (LASCANO; MARIOTTI, 1970). Além do que essa estratégia permitiria uma seleção natural para capacidade de rebrota. Na fase T1 a seleção de famílias ou seleção de plantas individuais (massal) pode ser realizada entre vários *seedlings* que foram dispostos conjuntamente no plantio (FERNANDES; SOUZA, 1997).

Segundo Barbosa et al. (2005) a seleção quando praticada em famílias com elevados valores genotípicos pode possibilitar maior probabilidade de encontrar clones superiores em suas respectivas progênes. Entretanto, Barbosa et al. (2004) afirmam que um caráter de seleção de baixa herdabilidade individual pode referir-se a produção em tonelada de cana por hectare (TCH), sendo que a identificação de novas famílias promissoras para esta característica é importante para um programa de melhoramento genético, fornecendo maior número de clones potenciais e que poderão se tornar novas cultivares de cana-de-açúcar. Oliveira et al. (2008) avaliando 80 famílias originadas de cruzamentos biparentais RB da série 03, provenientes de cruzamentos realizados na Estação de Cruzamentos Serra do Ouro (Murici – Alagoas) em 2003 verificaram que a herdabilidade individual apresentou média magnitude (0,22) enquanto que em nível de famílias, a herdabilidade média foi de alta magnitude (0,73).

Ao realizar a seleção das famílias com valores genotípicos acima da média experimental estima-se ganhos significativos para TCH. De acordo com Falconer e Mackay (1996) na seleção de famílias progênes inteiras são selecionadas ou rejeitadas como unidade, de acordo com seu fenotípico médio. Valores individuais não são considerados, a não ser pelo fato de que eles determinam a média das famílias.

Os estudos de famílias em cana-de-açúcar tiveram início na década de 70 na Austrália com os primeiros trabalhos publicados por Hogarth (1971). Na década de 80 e 90, as parcelas dos experimentos já eram colhidas mecanicamente, o que contribuiu significativamente para o levantamento de dados. Vários estudos foram realizados, entre eles: a predição dos cruzamentos superiores por Skinner et. al (1987); a seleção entre e dentro de famílias por Cox

e Hogarth (1993); a frequência dos clones elites nas populações por Jackson e McRae (1998) entre outros. No Brasil, os trabalhos foram iniciados por Bressiani (2001), Barbosa (2004, 2005), Resende e Barbosa (2005) e Oliveira et. al (2005, 2011).

Alguns programas de melhoramento têm aplicado os modelos mistos para obter os parâmetros genéticos e a predição dos valores genotípicos das famílias nas fases iniciais. Na Austrália, o Programa de Melhoramento da Cana-de-açúcar situado em Queensland (BUREAU OF SUGAR EXPERIMENT STATIONS – BSES), tem relatado que o número de clones elites avaliados nas fases posteriores de teste clonal, tem aumentado significativamente quando se combina a seleção de famílias com a seleção massal (COX et al., 1996). Este programa avalia entre 350 a 450 progênies por ano em cana-planta, sendo as parcelas colhidas mecanicamente. A seleção de indivíduos é feita no ano posterior, na soca. Normalmente, cerca de 30 a 40% das famílias são selecionadas, e dentro destas famílias seleciona-se 40% dos indivíduos (KIMBERG; COX, 2003).

Os estudos iniciados na Austrália por Hogarth (1971) revelaram que a seleção por famílias (progênies) deve ser mais eficiente que a seleção massal na primeira etapa da seleção. Além da Austrália, precursora nessa linha de pesquisa, o interesse pela seleção de famílias foi evidente em outros países, a exemplo, na Indonésia (SUKARSO, 1986), Cuba (ORTIZ e CABELLERTO, 1989), África do Sul (BOND, 1989), Havaí (WU; TEW, 1989), Flórida (TAI; MILLER, 1989) e na Lousiana (CHANG; MILLIGAN, 1992).

Na revisão de Jackson et al. (1995) sobre a seleção por famílias (progênies) os autores concluíram que a seleção por famílias teve boa adaptação ao sistema de colheita e pesagem mecanizados desenvolvidos na Austrália, otimizando o trabalho empregado e mostrando superior à seleção massal na maior parte das situações.

Com relação à interação famílias por ambiente Bressiani (2001) relata que um ponto favorável à seleção por família, quando comparada com a seleção individual, é que seu desempenho pode ser mensurado em vários ambientes ainda nas etapas iniciais do processo seletivo. Nesse contexto, vários estudos foram realizados dada a importância da interação famílias x ambientes x estádios de corte como na Austrália por Hogarth e Bull (1990) e Bull et al. (1992) por Jackson et al. (1995) e por McRae e Jackson (1995).

Quanto à eficiência da seleção de famílias essa pode ser aumentada segundo Falconer e Mackay (1996), acrescentando-se a seleção entre indivíduos dentro de famílias. Assim sendo, o critério da seleção dentro de famílias consiste no desvio ao valor médio da progênie à qual pertence.

Em cana-de-açúcar, a combinação da seleção por famílias (progênies) com a seleção massal é mais eficiente que a seleção por famílias apenas (McRAE et al., 1993 e COX et al., 1996). Contudo, o método mais eficiente de seleção é aquele baseado em famílias, com repetições, na avaliação de cana-planta, com a cana-soca mantida para a seleção massal dentro das melhores famílias (COX; HOGARTH, 1993).

Todavia, há dificuldades para aplicação da seleção de famílias no melhoramento da cana-de-açúcar em nível de campo, com destaque para o aumento dos trabalhos devido aos problemas operacionais relacionados à obtenção dos dados em nível de planta, e/ou a necessidade de pesar todas as parcelas nos experimentos, o que muitas vezes restringe o número de famílias a serem avaliadas por vez. Essas dificuldades têm subordinado a seleção de famílias para apresentar até o momento pouco impacto no desenvolvimento de novas cultivares de cana-de-açúcar, viabilizando apenas mais informações complementares sobre as populações.

2.3.3 Seleção Individual

A seleção na etapa inicial, em que os indivíduos são originários de sementes sexuadas, denominados de *seedlings* pelos melhoristas, é a que apresenta a menor eficiência, quando comparada com as demais etapas. Segundo Skinner et al. (1987), na seleção individual, os caracteres a serem explorados são os de alta herdabilidade, como brix (sólidos solúveis totais) e resistência a doença, e os caracteres relativos a produtividade de colmo não devem ser eficientes.

Para os caracteres de alta herdabilidade a seleção individual pode até ser superior àquela entre famílias, reduzindo também o risco de descartar indivíduos superiores de famílias com baixa médias fenotípicas. A maior dificuldade nesta seleção é a viabilidade econômica para avaliar cada planta individualmente, em detrimento da avaliação de um número elevado de plântulas. Na prática, as avaliações individuais normalmente são realizáveis, já que a maioria dos genótipos pode ser descartada visualmente pelo vigor evitando leituras desnecessárias de brix.

Na seleção individual, também chamada de seleção massal, as plantas são selecionadas com base em seus valores fenotípicos, pois, nesta fase não há repetição dos

genótipos avaliados. É considerado um método que possibilita uma reposta rápida, principalmente em populações com variabilidade genética (FALCONER; MACKAY, 1996).

Nesta seleção, cada genótipo encontra-se uma só vez e em um único ambiente, ou seja, os indivíduos são diferentes geneticamente nas famílias. Sendo assim, a avaliação é visual e com base em características indiretas de produção, ou seja, caracteres secundários que estão correlacionados com a produção final em tonelada de pol por hectare (TPH). É o caso dos caracteres estatura de plantas, diâmetro de colmos, número de perfilhos e o brix (%) cana (OLIVEIRA et al., 2011). Consequentemente, para selecionar um indivíduo superior para produtividade de açúcar por hectare há a necessidade de considerar características secundárias para selecionar o caráter principal, sendo ainda, que estas características possuem baixa herdabilidade (SKINNER, 1982; KIMBERG; COX, 2003).

No plantio individual, os *seedlings* são espaçados uns dos outros na linha de plantio. De maneira geral, a competição entre plantas acarretará uma seleção ineficiente. Sob alta competição, indivíduos com alta habilidade para competir serão frequentemente os escolhidos e os indivíduos com potencial para uma alta “performance” em condição isolada serão descartados (GEORGE, 1967; BOS; CALIGARI, 1995).

O espaçamento ideal para a seleção nesta etapa inicial deve ser aquele que permita prever com qualidade e com facilidade de discriminação a produção em TPH dos diferentes genótipos (HAMBLIN et al., 1980; VELA-CARDENAS; FREY, 1972). Os autores recomendaram o uso das estimativas de herdabilidade e do ganho genético de seleção como indicadores do ambiente ideal para esta seleção. O ambiente “ótimo” será aquele que maximiza essas estimativas.

Ao estudar a seleção sequencial em cana-de-açúcar, (BRESSIANI, 2001) relata que a avaliação visual na fase T1 *seedlings* realizada para caracteres secundários (estatura média do colmo, diâmetro do colmo, número de colmo e número de perfilho) e que estão correlacionados com a produção final, deveria ser considerada como um método para eliminar os indivíduos que fossem realmente desfavoráveis. Desta forma, espera-se que a seleção seja eficiente, mesmo para os caracteres de baixa herdabilidade, para a população como um todo.

2.3.4 Seleção em Grupo (*Bunch*)

A maioria dos programas de melhoramento cultiva um indivíduo (*seedlings*) por cova, entretanto, em alguns países em que os programas apresentam limitações de área para o plantio faz-se o plantio agrupado de *seedlings*, que consiste em reunir vários indivíduos em uma única cova ou touceira (MANGLESDORF, 1953; URATA, 1969).

De acordo com Dinardo-Miranda et al. (2010), a escolha do plantio individual ou agrupado é influenciada pelo tipo e sistema de cruzamentos. O plantio agrupado reduz a área de plantio e o custo com a seleção, mas necessita de 5 a 20 vezes mais *seedlings* para a mesma área. Desta forma, o plantio individual é recomendado quando a produção de sementes passa a ser um fator limitante. A seleção natural no plantio agrupado não se mostrou diferente da seleção ao acaso, no que diz respeito aos caracteres de importância.

O plantio em *bunch*, segundo Ladd et al. (1974), é um método recomendado quando se dispõe de um grande número de indivíduos de um cruzamento não testado previamente, uma vez que permite na mesma área a avaliação de muitos colmos simultaneamente. Para Urata, (1969) a seleção em *bunch* assemelha-se a seleção natural, assim espera-se eliminar pela competição natural um grande número de indivíduos inferiores, embora isso pareça questionável uma vez que não se tem estudos sobre esse efeito.

Skinner et al. (1987) trabalhando com colmos selecionados aleatoriamente na soca do estudo de 40 famílias com o plantio em *bunch* e de *seedlings* individuais sugeriu que o plantio em grupo foi inferior ao plantio de um único *seedlings*. Entretanto, para seleção de famílias foi promissor considerando a pequena área necessária para o plantio de mudas em grupo, sugerindo que a seleção da família pode obter sucesso com seu emprego. Os mesmos autores comentam ainda que, em geral, tais sistemas são ineficientes e que a eficiência do programa provavelmente depende não da escolha entre plantio individual ou agrupado, mas sim das taxas de seleção adotadas em ambos, além dos procedimentos a serem seguidos nas etapas subsequentes.

Outro ponto negativo a ser atribuído ao plantio agrupado diz respeito à disponibilidade de mudas para o plantio da etapa seguinte. Por serem plantados vários genótipos em uma única cova, a quantidade de mudas a ser obtida do genótipo selecionado será limitada a um único colmo, dessa forma, o tamanho da parcela na etapa T2 poderá ter aproximadamente dois metros, mas na maioria das vezes a parcela terá apenas um metro de sulco. No plantio individual, essa mesma parcela poderá ter seis metros ou mais, uma vez que todos os colmos

da touceira podem ser multiplicados, já que pertencem a um mesmo genótipo (DINARDO-MIRANDA et al., 2010).

2.3.5 Tamanho da População Inicial

As populações utilizadas para a seleção geralmente são produzidas por cruzamentos de cultivares comerciais e/ou clones pré-comerciais. Esses cruzamentos são denominados biparentais, quando envolvem dois diferentes indivíduos e policruzamentos quando envolvem um número maior de indivíduos. Esses cruzamentos geram populações com variabilidade genética devido à heterozigose dos genótipos.

Skinner et al. (1987) compararam o tamanho da população de *seedlings* de vários programas de melhoramento. Eles mostraram a existência de uma grande diferença em termos de tamanho e destacaram que, na maior parte destes, a grande maioria dos indivíduos é descartada logo na primeira etapa, e a seleção é feita com base em caracteres quantitativos de importância, a exemplo da produtividade de colmos que apresentam baixas herdabilidades.

Hogarth et al. (1997) citaram que é importante testar um número muito grande de famílias (progênies) na etapa inicial de seleção ao invés de um número grande de *seedlings* de um ou poucos cruzamentos experimentais. Isso ocorre devido à importância da variância genética não-aditiva para a produtividade de cana por hectare que torna muito difícil a predição da produção nas famílias. Com o teste de um número grande de famílias em ensaios com repetições, torna-se possível a identificação das famílias mais produtivas. Essas progênies podem, então, ser replantadas em maior quantidade de *seedlings* em anos subsequentes.

2.4 PARÂMETROS GENÉTICOS E CARACTERES CORRELACIONADOS

Dentre os vários parâmetros genéticos estudados em uma população, o mais considerado por melhoristas, com o intuito de investigar a natureza da variabilidade observada é a herdabilidade, devido ao fato desta levar em conta todos os componentes de variância (FALCONER, 1981). Em espécies de propagação vegetativa, tanto a herdabilidade no sentido

amplo (h_g^2 , que é dada pela relação entre a variância genotípica e a variância fenotípica total), quanto a herdabilidade no sentido restrito (h_a^2 , dada pela relação entre a variância genética aditiva e a variância fenotípica total) são aplicáveis no melhoramento.

2.4.1 Herdabilidade

Num programa de melhoramento é muito importante caracterizar o quanto das diferenças fenotípicas que se observam entre os indivíduos se deve às diferenças na sua constituição genética ou às diferenças ambientais. O conceito de herdabilidade originou-se segundo Reis (2000) da tentativa de quantificar estas diferenças. Brewbaker (1969) relata que Lush foi quem primeiro estimou o coeficiente de herdabilidade e define-o como sendo a proporção genética da variância fenotípica total.

Falconer (1972) expressa o conceito como sendo a proporção da variância total que é atribuída aos efeitos médios dos genes, sendo o papel mais importante da herdabilidade prever a confiabilidade do valor fenotípico como indicador do valor reprodutivo ou genético. Segundo Allard (1971), para que os genes possam promover o desenvolvimento de um caráter é preciso que eles disponham do ambiente adequado, mas, não há modificações de ambiente que possam provocar a expressão de um caráter se os genes necessários não estiverem presentes.

Para Falconer e Mackay (1996), a herdabilidade reflete a proporção da variação fenotípica que pode ser herdada, ou seja, quantifica a confiabilidade do valor fenotípico como estimador do valor genético. Apenas o valor fenotípico de um indivíduo pode ser mensurado, porém, é o valor genético que influenciará a próxima geração. Sendo assim, é importante o conhecimento de quanto da variação fenotípica é atribuída à variação genotípica e este é medido pela herdabilidade.

Estimativas de herdabilidade em nível de plantas individuais e de famílias de cana-de-açúcar, em fase inicial da seleção em vários países, e apresentadas a seguir foram adaptadas por Skinner et al. (1987). Em plantas individuais, as estimativas foram de baixa magnitude, para os caracteres produção de colmos (TCH), produção de Brix (TBH), número, diâmetro e altura do colmo (NC, DC e EC). A estimativa para TBH foi de 0,16, enquanto que para os demais caracteres as estimativas variaram de 0,10 a 0,17 para TCH, 0,13 a 0,26 para NC, 0,30

a 0,44 para DC e 0,21 a 0,32 para EC. As estimativas para Brix e resistência a carvão e ferrugem foram mais elevadas, geralmente superiores a 0,50. As estimativas de herdabilidade considerando famílias foram superiores às estimativas considerando indivíduos, para todos os caracteres considerados.

Kang et al. (1983) estimaram coeficientes de herdabilidade em cana-planta, soca e ressoça de clones selecionados de dois cruzamentos bi-parentais. As estimativas baseadas na média de parcelas foram de 0,84 para EC, 0,94 para DC, 0,82 para NC, 0,93 para massa média de colmo (MC), 0,88 para Brix e 0,81 para TCH.

Singh et al. (1981) ao estudar 48 cultivares de cana-de-açúcar encontrou coeficientes de herdabilidade de 0,03 para a massa média do colmo (MC), 0,66 para Brix e DC, e 0,74 para EC. Estes autores relatam que pequenas diferenças desses resultados em relação a outros estudos podem ser devido a diferenças entre os genótipos avaliados, tamanho da amostra e local considerado.

Em um experimento conduzido com genótipos provenientes de três origens, Sharma e Singh (1998) encontraram moderada herdabilidade para MC, EC e DC (0,34 a 0,53, 0,42 a 0,50 e 0,33 a 0,39, respectivamente) e alta herdabilidade para Brix (0,62 a 0,72).

Bressiani (1993) estimou coeficientes de h_r^2 em cana-planta e cana-soca da segunda fase de seleção e em cana-planta da terceira fase de seleção. Este autor mostrou que as estimativas apresentaram grande variação entre as fases. Na segunda fase as estimativas variaram de 0,57 a 1,19 para o caráter Brix, de 0,30 a 1,00 para AC, de -0,34 a 0,25 para DC, de 0,21 a 0,34 para NC e de 0,19 a 0,32 para a massa de colmo (MC). Na terceira fase de seleção, por outro lado, as estimativas para EC, DC, NC, Brix e MC foram: 0,61, -0,14, 0,52, 0,74 e 0,42, respectivamente.

Moraes (2008) avaliando progênies de cana-de-açúcar na fase inicial de seleção (T1) verificou que as variáveis toneladas de pol por hectare (TPH), toneladas de cana por hectare (TCH), pol % na cana (PC) e brix na cana (BC) apresentaram herdabilidades médias elevadas, indicando possibilidade de sucesso na seleção desses caracteres entre as famílias estudadas.

Pedrozo (2006) observou que na fase T1 houve destaque para a relação CV_g/CV_e superior a unidade para os caracteres brix e altura de colmos (1,42 e 1,38) possibilitando assim, uma provável seleção por meio destes caracteres, pois os mesmos apresentam uma baixa influência do ambiente. Já na fase T2 a relação foi inferior a unidade para todos os caracteres avaliados. Na estimativa da herdabilidade genética entre as duas fases de seleção estudadas

houve grande variação. As maiores variações foram encontradas para altura de colmos, sendo a estimativa de 0,66 na fase T1 em média e 0,22 na fase T2.

Pelos trabalhos mencionados anteriormente observa-se que os coeficientes de herdabilidade sofrem grandes variações de acordo com a população e com as fases de seleção consideradas. Logo, pode se inferir que as estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos em cana-de-açúcar são peculiares àquelas populações e fases consideradas, sendo até certo ponto impossível e arriscado extrapolar resultados encontrados na literatura para outras condições, tornando necessário que estas estimativas sejam obtidas para populações e condições em que o melhorista esteja trabalhando (ZACARIAS, 1977).

2.4.2 Correlação entre Caracteres

Na lavoura da cana-de-açúcar, segundo Mariotti (1968), além de estudos que permitem conhecer a respeito da correlação entre caracteres dentro de fases de seleção, há interesse também do conhecimento da correlação entre um mesmo caráter em diferentes fases, uma vez que, a expressão de um caráter pode variar ao longo das fases, fato que se deve principalmente à influência do ambiente no comportamento dos genótipos avaliados.

Na literatura são encontrados diversos estudos com o objetivo de se avaliar a correlação fenotípica e genotípica dentro de fases de seleção, ao passo que, estudos entre fases, são menos frequentes (RAM et al., 1989; CHAUDHARY et al., 1989; BRESSIANI, 1993; MARIOTTI, 1973).

Estudo realizado por Zacarias (1977), em clones de terceira fase de seleção em cana-de-açúcar encontrou correlações genéticas entre os caracteres para DC x TCH (-0,06); para EC x TCH (0,37); para NC x TCH (0,57). Os autores Mariotti (1977) e Zacarias (1977) constataram que o número de colmos foi o caráter que mais contribuiu para a produção de cana por área.

Correlações fenotípicas foram observadas por James (1971) entre o caráter principal (TCH) e os componentes secundários (NC, DC e EC) em três populações, sendo a primeira constituída por *seedlings* (cana-planta) e a segunda e a terceira por clones de primeira geração em cana-planta e cana-soca, respectivamente. Este autor observou que a associação entre os caracteres variou bastante entre as populações, sendo geralmente, superiores dentro da

população de *seedlings*. As correlações encontradas foram as seguintes: NC x TCH (0,585 a 0,825); DC x TCH (0,076 a 0,314) e NC x TCH (0,286 a 0,331).

Kang et al. (1983) estimaram correlações genéticas em cana-planta, soca e ressoça de clones de segunda fase de seleção entre os caracteres EC x TCH (0,49); DC x TCH (0,40); NC x TCH (0,25); MC x TCH (0,52) e Brix x TCH (0,37). REDDY e REDDI (1986) obtiveram estimativas de coeficientes de correlação genotípica positiva na segunda fase de seleção de cana-de-açúcar entre NC e PC com TCH (0,80 e 0,83), respectivamente e NC e PC com TBH (0,67 e 0,63), respectivamente.

James e Miller (1971) encontraram coeficientes de correlação fenotípica entre NC, DC e Brix entre cana-soca da primeira fase e cana-planta da segunda fase de seleção. Para esses autores o NC e o Brix na primeira fase não predizem confiavelmente o comportamento dos genótipos na segunda fase, pois os coeficientes de correlação para estes caracteres entre as duas fases foram baixo, ou seja, 0,36 e 0,38, respectivamente. O caráter DC foi o critério de seleção mais confiável cuja correlação fenotípica foi de 0,62.

Avaliando os resultados de seis cruzamentos biparentais Bressiani (1993) estimou correlações fenotípicas de caracteres entre a primeira, segunda e a terceira fase de seleção de progênies e encontrou os seguintes coeficientes entre a primeira e a segunda fase: entre AC x PC (0,54), DC x PC (0,42), NC x PC (0,44), NC x PC (0,68) e entre Brix % caldo x PC (0,42). O autor concluiu que o Brix é o caráter que melhor assegura a possibilidade de uma seleção eficiente logo na primeira fase.

Na pesquisa conduzida por Ram et al. (1996) os autores encontraram as seguintes correlações fenotípicas entre a primeira e a segunda fase de seleção, em três cruzamentos de cana-de-açúcar e em dois ambientes distintos (normal e sob condições restritas de irrigação). As correlações obtidas foram, em média, de 0,20 para NC x AC e de 0,30 para PC x Brix sob condições normais de ambiente. O caráter DC apresentou correlação superior, ou seja 0,8. Cuenya e Mariotti (1993) estudando o comportamento de 20 progênies híbridas entre a primeira fase de seleção e a cana-planta e cana-soca, da segunda fase, observaram as maiores estimativas de correlação fenotípica média entre a primeira fase e cana-planta da segunda fase de seleção para PC, EC e TCH (0,57, 0,55 e 0,53, respectivamente). O caráter EC foi o que apresentou o maior valor de correlação (0,51) entre a primeira e a cana-soca da segunda fase.

Pedrozo et al. (2008), avaliando 130 clones na fase T2, observaram que a produção estimada de colmos apresentou elevada correlação genotípica com toneladas de colmos por hectare, podendo ser empregada na seleção indireta.

2.5 EVOLUÇÃO DOS PROGRAMAS DE MELHORAMENTO GENÉTICO DA CANA-DE-AÇÚCAR

O brasileiro Gervásio Caetano Peixoto Lima foi o primeiro a assinalar a fertilidade da semente da cana-de-açúcar em 1842 numa tese de doutoramento defendida no Rio de Janeiro/Brasil e arquivada na Biblioteca Nacional (COPERSUCAR, 1983).

No entanto, o primeiro cruzamento genético da cana-de-açúcar dirigido no mundo foi realizado pelo melhorista Friedrich Soltweld da Proefstation Oost Java, Indonésia, em 1887, quando obteve sementes férteis da variedade² Loethers cruzada com a Glagah. A partir de então, começou a obter êxitos com as cultivares batizadas com a sigla POJ (BARNES, 1974; CESNIK; MIOCQUE, 2004).

A cultivar POJ2878 foi alcunhada “a maravilha de Java”, tais os seus predicados em rendimento cultural, industrial e resistência a moléstias e condições ambientais adversas da época (ANDRADE, 1985; JAMES, 2004).

Das cana-de-açúcar cultivadas no Brasil nos três primeiros séculos da colonização, a única cultivar que se tem conhecimento é a denominada Crioula, a qual foi introduzida em Pernambuco, no século XVI, tendo predominado durante quase 250 anos (JUNQUEIRA; DANTAS, 1964; EISENBERG, 1977). As canas crioulas eram híbridos resultantes do cruzamento entre *S. officinarum* e *S. barberi*, e se extinguíram devido à alta suscetibilidade ao vírus-do-mosaico.

A partir do século XVI, a produção de açúcar no mundo passou por uma ampla modificação devido ao plantio de cultivares oriundas de *S. officinarum*, em substituição às espécies *S. sinense* e *S. barberi*. O emprego de cultivares de *S. officinarum* era facilitado pelo clima tropical onde os novos engenhos se localizavam, e pela superioridade destas cultivares nobres quanto ao teor de açúcar e fibra quando comparados à cultivar Crioula, anteriormente utilizada. Não obstante, a superioridade produtiva, as canas nobres não apresentavam a rusticidade e a resistência a doenças, características das canas Norte-Indianas (ROACH; DANIELS, 1987).

Entre 1790 e 1803 o governador do Pará, Francisco de Souza Coutinho enviou a esta província uma coleção de cultivares nobres cultivadas na Guiana Francesa. Uma destas cultivares, que recebeu o nome de Caiana (de Caiena, nome da capital da Guiana Francesa) devido ao seu alto vigor e rusticidade, logo substituiu a cana Crioula e continuou a ser a cultivar predominantemente utilizada no Brasil pela maior parte do século XIX

Variedade² – Em taxonomia, variedade é uma classificação científica inferior à espécie. Por convenção da Comissão Nacional da Cana, “os clones que chegarem aos testes finais e se constituírem tipos comerciais, receberão o prefixo da estação experimental – estes continuaram sendo – variedades”. Brasil Açucareiro – IAA Ano LXXLX – Maio de 1072, N°5. pd. 91;

(JUNQUEIRA; DANTAS, 1964; EISENBERG, 1977) contribuindo grandemente naquela época para a expansão da indústria açucareira brasileira.

Por volta de 1869, uma enfermidade denominada gomose devastou a cultivar Caiana fazendo com que houvesse grande interesse, por parte dos produtores, na obtenção de novas cultivares resistentes (EISENBERG, 1977; MACHADO Jr. et al., 1987).

Dentre as cultivares encontradas no Brasil apenas a Roxa, Rosa, Ubá e Cristalina, foram cultivadas em substituição à Caiana. Durante cerca de 30 anos, até o advento dos híbridos javaneses e indianos foram estas cultivares a base dos canaviais brasileiros (JUNQUEIRA; DANTAS, 1964).

Na década de 20, o vírus do mosaico devastou todos os grandes centros açucareiros da América culminando, na mais importante epidemia da cultura da cana-de-açúcar. Nesta mesma ocasião os canaviais brasileiros eram formados exclusivamente pelas canas nobres, as quais eram muito ricas em açúcar, porém, altamente susceptíveis ao mosaico. As cultivares nobres cultivadas no Brasil até então precisaram ser substituídas por cultivares javanesas resistentes (POJ 36 e POJ 213) bem como por outras cultivares importadas da Argentina e da Índia (ARRUDA, 1941; JUNQUEIRA; DANTAS, 1964; MACHADO Jr. et al., 1987). Uma das cultivares javanesas permaneceu em produção no país até ser devastada pelo carvão, o qual foi detectado nos canaviais brasileiros em 1946.

Com a produção ameaçada por doenças e com a limitada resistência apresentada pelas canas nobres, o desenvolvimento de novas cultivares por meio de sementes verdadeiras também se tornou uma alternativa atrativa (ROACH; DANIELS, 1987).

Em 1892, Manoel Cavalcanti de Albuquerque, proprietário de um engenho em Escada, obteve sucesso na reprodução sexual da cana-de-açúcar. Desenvolveu *seedlings* da cana Caiana e selecionou a primeira cultivar brasileira, conhecida como Manteiga, a qual contribuiu grandemente para a substituição da Caiana e controle da gomose (JUNQUEIRA; DANTAS, 1964; EISENBERG, 1977).

No Brasil, os primeiros programas de melhoramento da cana-de-açúcar tiveram início em 1933 em Campos – RJ, em 1934, no Instituto Agrônomo de Campinas e na Estação Experimental de Curado - Pernambuco (FERNANDES et al., 1991). Em 1910, no Estado de Pernambuco posteriormente ao trabalho pioneiro de Cavalcanti instituiu-se um programa de melhoramento na Estação Experimental de Escada seguido por um programa desenvolvido na Estação Geral de Experimentação de Barreiras. Destes programas foram desenvolvidas cultivares EB (Escada Brasil) e as cultivares SBP. Em 1933, estes programas foram substituídos por aqueles das estações experimentais de cana-de-açúcar de Quissama e Curado.

Na estação de Curado foram desenvolvidas as cultivares PB (Pernambuco Brasil), as quais foram posteriormente chamadas de cultivares IANE (Instituto Agrônomo do Nordeste) (MACHADO Jr. et al., 1987).

O primeiro programa brasileiro de melhoramento da cana-de-açúcar de longa duração foi o de Campos iniciado em 1933 e finalizado em 1973. Durante o período em que esteve em andamento este programa desenvolveu as cultivares com prefixo CB (Campos-Brasil) que serviram de base para as usinas de açúcar do Rio de Janeiro e São Paulo (MACHADO Jr. et al., 1987).

Em 1969 a Cooperativa Central dos Produtores de Açúcar e Alcool do Estado de São Paulo – COPERSUCAR – criou o seu programa de melhoramento genético da cana-de-açúcar, também alicerçada nas recomendações técnicas do pesquisador americano Albert J. Mangelsdorf. A COPERSUCAR gerou importantes variedades da sigla SP (São Paulo), igualmente registrada na ISSCT. Com a sede das pesquisas em Piracicaba, SP, Banco de Germoplasma e Estação de Floração e Cruzamento em Camamu, BA. O programa da COPERSUCAR encerrou suas atividades em 2003, e desde 2004 o seu acervo tecnológico (Banco de Germoplasma e cultivares) passou a ser administrado pelo Centro de Tecnologia Canavieira – CTC, com a participação de mais empresas associadas, e que desenvolve as cultivares da sigla CTC (LANDELL; BRESSIANI, 2008; BARBOSA et al., 2012).

No ano de 1971 de acordo com Machado Jr. et al. (1987) surgiu o Programa Nacional de Melhoramento da Cana-de-açúcar (PLANALSUCAR). Tal Programa teve como meta básica a obtenção de novas cultivares com elevados índices de produtividade e maior resistência a pragas e doenças em substituição àquelas cultivares até então utilizadas no país.

As primeiras cultivares desenvolvidas pelo PLANALSUCAR, denominadas RB (República do Brasil) foram liberadas para o estado de Alagoas em 1977 (OITICICA, 1977). Dentre todas as cultivares desenvolvidas, aquela que apresentou maior potencial em nível nacional foi a RB72454.

Em 1990 o PLANALSUCAR foi extinto juntamente com o IAA. No entanto, após um ano o corpo técnico e a infraestrutura das sedes e das coordenadorias e estações experimentais deste programa foram absorvidos, inicialmente, por sete Universidades Federais (UFPR, UFSCar, UFV, UFRRJ, UFSE, UFAL e UFRPE) as quais instituíram a Rede Interuniversitária para Desenvolvimento do Setor Sucroalcooleiro – RIDESA. Mais recentemente, a Universidade Federal de Goiás (UFG), a Universidade Federal do Piauí (UFP) e a Universidade Federal do Mato Grosso (UFMT) foram também agregadas à RIDESA.

As novas cultivares de cana-de-açúcar no Brasil são atualmente desenvolvidas por programas de melhoramento genético, entre eles quatro mais tradicionais: o Instituto Agrônomo de Campinas – IAC; o das Universidades Federais que compõem a Ridesa; o do Centro de Tecnologia Canavieira – CTC e a Canavialis da Monsanto com o objetivo de atender à demanda varietal do país (BARBOSA; SILVEIRA, 2010).

De acordo com Ming et al. (2006) existem em atividade aproximadamente 23 programas de melhoramento genético da cultura distribuídos nos principais centros produtores no mundo. Para Machado Jr. (2014) atualmente estão ativos quarenta e cinco programas de melhoramento genético da cana-de-açúcar em diferentes países, desenvolvidos por instituições públicas e privadas ou em sistemas cooperativos formados por produtores.

2.5.1 Programa de Melhoramento Genético da RIDESA

A Rede Interuniversitária para o Desenvolvimento do Setor Sucroenergético (RIDESA) é uma parceria de sucesso hoje de 10 Universidades Federais (UFSCar, UFRPE, UFAL, UFRRJ, UFV, UFS, UFG, UFPR, UFPI e UFMT) que tem em comum o objetivo de obter cultivares RB (República do Brasil) melhoradas geneticamente (CARNEIRO et al., 2011). Os genótipos de sigla RB são obtidos através do semeio de cariopses geradas por hibridações realizadas em Banco de Germoplasma distribuído em duas Estações de Floração e Cruzamento. A primeira conduzida pela Universidade Federal de Alagoas - UFAL, a Estação de Floração Serra do Ouro– EFCSO, em Murici - AL, localizada a 09°13'S, 35°50'W, 450m de altitude. A segunda denominada Estação de Floração de Devaneio – EFCD, em Amaraji – PE, conduzida pela Universidade Federal Rural de Pernambuco - UFRPE, localizada a 08°19,8'S, 35°,24,8'W, 514m de altitude (MELO et al., 2014; IAIA et al., 2014).

O programa da Ridesa desenvolve suas atividades abrangendo todos os estados produtores de cana-de-açúcar no Brasil, apoiados por 72 estações experimentais regionais, localizados estrategicamente em todo o país (BARBOSA et al., 2012). Em mais de 20 anos, RIDESA lançou 78 cultivares RB de cana-de-açúcar, que atualmente são plantadas em 64% da área cultivada com cana-de-açúcar no Brasil (CHAPOLA et al., 2013).

O esquema (a) apresentado na Figura 1 tem sido o esquema básico para geração de clones superiores adotados pela RIDESA nos últimos anos. A partir dos cruzamentos, selecionam-se de forma massal, os indivíduos a serem submetidos aos testes clonais. Em

outras palavras, não se utiliza da informação de família para a seleção dos clones potenciais. Os critérios empregados para escolha dos cruzamentos são: i) Evitar cruzamentos entre parentes, ii) Preferencialmente, empregam-se nos cruzamentos clones elites e cultivares desenvolvidos no País ou região, iii) Associação de importantes características agroindustriais.

O esquema (b) (Figura 1) faz uso dos testes de famílias em experimentos com repetições, mas não são realizadas medições em nível individual. Assim, não é possível a predição dos valores genotípicos individuais dos clones potenciais pelo procedimento BLUP individual (RESENDE, 2002).

Entretanto, pode-se utilizar o procedimento BLUPIS (BLUP Individual Simulado) desenvolvido por Resende e Barbosa (2006) o qual é uma aproximação ao BLUP individual e indica quantos indivíduos devem ser selecionados em cada família e submetidos a teste clonal.

De acordo com Barbosa et al. (2012), foi realizada uma melhoria no BLUPIS; este novo indicador BLUPIS modificado, reproduz quase exatamente BLUP individual, tendo 98% de correlação entre os dois métodos, o mesmo número total de indivíduos selecionados, mesmo número de indivíduos selecionados por família (erro de apenas 2-4 indivíduos por família) e seleção dos mesmos indivíduos de ambos os métodos. Estes resultados são consistentes e mostram que o BLUPIS modificado e BLUP individual são virtualmente idênticos. Estes são muito superiores à seleção sequencial tradicional entre e dentro de famílias, especialmente para as características com baixa herdabilidade. Esse esquema é ideal para ser empregado em cana-de-açúcar, onde as parcelas experimentais são colhidas em sua totalidade.

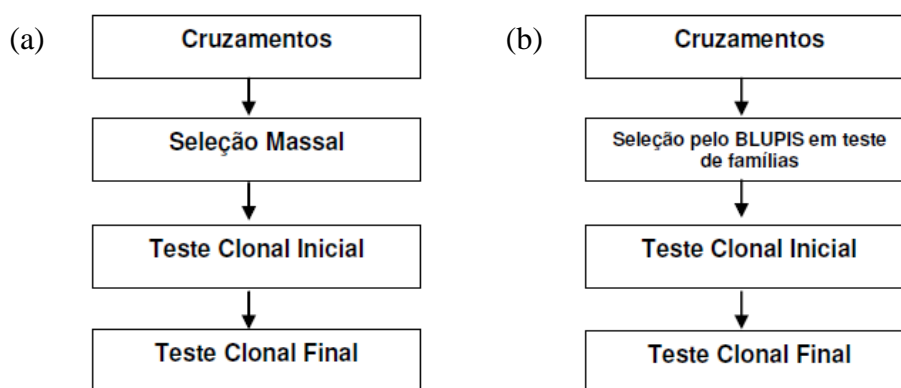


Figure 1. Esquemas básicos para a geração de clones superiores em cana-de-açúcar (RESENDE; BARBOSA, 2005). Esquema sem teste de famílias e com seleção massal (a), esquema com teste de famílias e sem medições individuais (b).

As metodologias empregadas no programa de melhoramento da cana-de-açúcar da RIDESA são relatadas por Barbosa e Silveira (2000), Barbosa et al. (2005), Daros et al. (2010), Carneiro et al. (2011), Silveira et al. (2012) e Melo et al. (2014).

O processo de obtenção de cultivar RB é subdividido em cinco fases, as quais se convencionaram denominar fases T1, T2, T3, FM e FE, ou seja, primeira, segunda e terceira fase de seleção, fase de multiplicação e fase experimental, respectivamente.

2.5.2 Primeira Fase de Seleção (T1)

A primeira fase de seleção é denominada T1, e é constituída por *seedlings* provenientes de cruzamentos pré-estabelecidos. Anualmente são produzidos milhares de *seedlings* pela RIDESA. Após 90 a 120 dias totais das etapas de semeio, germinação, individualização e aclimação, respeitando as condições regionais de época de plantio, precipitação e temperatura correspondente a área de atuação do programa de cada universidade, os *seedlings* são transplantados no campo das subestações nas unidades com parceria da Ridesa. Juntamente com cultivares-padrão, as quais são essenciais para se obter estimativas prévias do Brix, além de servirem de referência para as características agronômicas na seleção dos genótipos.

Após um ano do transplante, é efetuado o corte em cana-planta. A seleção de genótipos a serem clonados tem sido realizada dos 10 aos 12 meses no estágio de cana-soca. A seleção em cana-soca é preferida em alguns programas de melhoramento baseando-se no argumento que as diferenças entre os genótipos, geralmente não são detectadas em cana-planta, além de permitir que os genótipos sejam submetidos à seleção natural para a característica capacidade de rebrota (LASCANO; MARIOTTI, 1970). Adicionalmente, algumas universidades fazem a seleção em duas épocas de forma a procurar, naquela primeira época, genótipos que apresentem a importante característica de precocidade (BARBOSA et al., 2005).

Na fase T1, selecionam-se preferencialmente, plantas que apresentem: a) desenvolvimento vegetativo (colmo, diâmetro, estatura) superior aos padrões; b) mais de seis colmos por touceira; c) colmos de idade fisiológica semelhante (uniformidade) e de diâmetro médio; d) hábito de crescimento ereto; e) tolerância às principais doenças de ocorrência

natural na região; f) florescimento e chochamento ausentes; e g) Brix semelhante ou superior ao das cultivares-padrão (BARBOSA; SILVEIRA, 2000).

2.5.3 Segunda Fase de Seleção (T2)

A segunda fase de seleção é constituída por clones, os quais foram selecionados na cana-soca da fase T1. Uma particularidade desta fase é o uso do delineamento de blocos aumentados (DBA), o qual possibilita a avaliação de um grande número de clones sem a necessidade de utilização de repetições.

Na fase T2, devido aos mesmos problemas de baixas correlações entre o comportamento em cana-planta e soca relatados anteriormente, a seleção é efetuada também, em ambos os anos, tendo-se como alvo as mesmas variáveis da fase T1.

2.5.4 Terceira Fase de Seleção (T3)

A terceira fase de seleção consiste na avaliação de algumas centenas de clones selecionados em T2. Como relatado na fase anterior, na fase T3 o delineamento utilizado também tem sido o DBA, podendo este ser duplicado ou não, ou ainda, dentro de um mesmo local ou em diferentes regiões. No caso de avaliação em mais de um local procede-se com a multiplicação dos clones considerados.

2.5.5 Fase de Multiplicação (FM)

A fase de multiplicação consiste, basicamente, na multiplicação dos clones selecionados na fase T3, para obtenção de mudas a serem utilizadas na fase experimental. A partir desta fase, ocorre o intercâmbio dos clones selecionados entre as regiões dentro da área de atuação de cada universidade e entre as universidades.

Após terem sido multiplicados, os clones selecionados são enviados a diversos locais, em geral usinas e destilarias conveniadas, as quais variam de universidade para universidade, onde são obtidas as mudas.

2.5.6 Fase Experimental (FE)

Na fase experimental, ainda nas usinas e destilarias conveniadas às Universidades, os clones promissores são avaliados em experimentos considerando-se o delineamento estatístico em blocos ao acaso, por três anos consecutivos e, quando possível, o experimento é repetido três vezes no mesmo local (BARBOSA; SILVEIRA, 2000; CARNEIRO et al., 2011; SILVEIRA et al., 2012; MELO et al., 2014).

Paralelamente aos ensaios de competição, são conduzidos ensaios adicionais com o objetivo de se obter a curva de maturação dos clones avaliados. Em função do calendário de plantio/colheita da cana-de-açúcar ser diferente na Região Nordeste e do Centro-Sul e Norte, o corte dos ensaios e o início da amostragem da curva de maturação são épocas diferenciadas, de acordo com o fluxograma de cada programa das universidades.

Durante três safras consecutivas ocorrem as colheitas dos experimentos de primeiro, segundo e terceiro cortes, respectivamente, observando-se as características como tonelada de colmos por hectare (TCH), percentagem de sacarose da cana (POL), brix (sólidos solúveis totais) e fibra - determinados de acordo com o método descrito por Fernandes (2003), rendimento de sacarose (tonelada de sacarose por hectare – TPH), que possibilitam avaliar as qualidades dos rendimentos agroindustriais, reação em relação às principais doenças da região e comportamento de adaptabilidade e estabilidade fenotípica (EBERHART; RUSSELL, 1966).

Assim após avaliações por vários cortes, ambientes e anos de cultivo, finalmente os novos cultivares podem ser usados comercialmente (BARBOSA et al., 2001; BARBOSA et al., 2012; SILVEIRA et al., 2013)

2.6 IMPORTÂNCIA ECONÔMICA DOS PROGRAMAS DE MELHORAMENTO GENÉTICO DA CANA-DE-AÇÚCAR

Na visão econômica da lavoura canavieira, na safra brasileira de 2011/2012, Barbosa et. al (2012) estimaram ganho equivalente a 175 milhões de dólares, ou média de 19,40 US\$ ha⁻¹, devido à substituição de cultivares de cana-de-açúcar. A esse respeito Scortecci et. al (2012) e Nyko et al. (2013) destacam que a evolução da produtividade brasileira ocorreu, em boa medida, graças ao desenvolvimento das tecnologias agrícolas de produção, notadamente pela introdução de novas cultivares de cana-de-açúcar, desenvolvidas pelos programas de melhoramento genético.

No entanto, os ganhos relacionados com a produtividade não são apenas atribuídos ao melhoramento genético da cana-de-açúcar. Segundo Cheavegatti-Gianotto et. al (2011), o aumento da produtividade da cana-de-açúcar no Brasil em 66% em toneladas de cana por hectare e de 34% no teor de açúcar por toneladas de cana entre os anos de 1975-2010, foi devido ao melhoramento genético e as melhorias das práticas agrônomicas.

Para Dutra Filho et al. (2012), este crescimento na produtividade se deve a muitos fatores tais como: técnicas de manejo, desenvolvimento e implantação de uma moderna tecnologia agrícola, muito embora, merece maior destaque os programas de melhoramento genético através do desenvolvimento contínuo de novas cultivares mais produtivas com características agrônomicas favoráveis, resistentes as principais pragas e doenças.

2.7 CONTRIBUIÇÃO DO MELHORAMENTO GENÉTICO DA CANA-DE-AÇÚCAR

No Brasil, os programas de melhoramento de cana-de-açúcar desenvolveram 112 cultivares de cana-de-açúcar, conforme registro do Ministério da Agricultura. Segundo Dias (2011), só na última década (2000-2009) as novas cultivares foram responsáveis por um ganho de 20,8% na produtividade de etanol (em m³ ha⁻¹).

De acordo com Barbosa et al. (2012) em uma estimativa da contribuição de melhoramento genético, considera que 50% do ganho de produtividade é devido à substituição contínua por outras cultivares mais produtivas, e, em termos percentuais, a contribuição do aumento de açúcar por área (kg ha⁻¹) foi de 4% ao ano. Afirma ainda que,

para o Brasil se manter competitivo no setor de energia e açúcar, a partir de cultivo de cana-de-açúcar, é necessário investimento público e privado em genética clássica, bem como na pesquisa básica e inovação tecnológica em toda a cadeia de produção.

Estudos conduzidos por Berding et al. (2004) e Ming et al. (2006) relatam que os programas de melhoramento possibilitam o aumento de rendimento médio em açúcar entre 1 e 2% ao ano. Dessa feita, a massa do colmo por unidade de área foi o componente que teve maior participação no ganho genético nas últimas décadas (JACKSON, 2005; COX; STRINGER, 2006).

Para Barbosa (2014), as estratégias empregadas no melhoramento genético em relação ao ganho de rendimento de açúcar tiveram grande êxito nas pesquisas experimentais realizadas em Alagoas-Brasil, com aumento anual no rendimento de açúcar de 80 kg ha⁻¹ no período de 1975 a 1992, e crescimento no rendimento de açúcar de 140 kg ha⁻¹ no período de 1993 a 2010.

O mesmo autor, também relata que o ganho em rendimento de açúcar no período 1993/1994 a 2010/2011 foi de 0,200 TARTH, e o conjunto das cultivares adotadas contribuíram na safra 2010/2011 com adicional extra de US\$ 17,36 milhões e deste montante, US\$ 10,42 milhões podem ser creditados à adoção das cultivares RB

2.8 METODOLOGIAS EMPREGADAS NO MELHORAMENTO DA CANA-DE-AÇÚCAR

2.8.1 Técnicas Convencionais

Quanto à tecnologia empregada nos programas de melhoramento genético da cana-de-açúcar no Brasil e no mundo, existe um ponto marcante a considerar: as cultivares liberadas para cultivo comercial foram desenvolvidas por programas clássicos, onde melhoristas usam técnicas convencionais de coleta, recombinação e seleção, pois até o momento não existe informações de cultivar de cana-de-açúcar, com área significativa plantada comercialmente no mundo, que não tenha sido desenvolvida por estas técnicas convencionais, sem o uso de engenharia genética e da biologia de sistemas.

2.8.2 Seleção Recorrente

Entre os métodos de melhoramento de plantas e as técnicas convencionais empregadas no melhoramento genético da cana-de-açúcar, o qual mais se assemelha, embora não explicitamente tem sido a seleção recorrente intrapopulacional (SRI).

Os clones superiores gerados ao final dos procedimentos básicos de cruzamento, seleção clonal e recombinação, são inter cruzados para a geração das famílias híbridas de um novo ciclo seletivo (Figura 2). Por meio deles é possível aumentar a frequência de genes e de seus alelos relacionados a características quantitativa favoráveis a cada ciclo de seleção, sem reduzir a variabilidade genética da população ao longo das gerações (RESENDE; BARBOSA, 2005).

Esses mesmos autores, informam que a cana-de-açúcar é semi-perene e, portanto, há sobreposição de gerações, isto é, clones criados em diferentes anos são inter cruzados e não apenas aqueles de determinado ciclo seletivo. Relatam ainda que a SRI é mais eficiente em espécies que não apresentam elevada heterose e/ou divergência genética no material sob melhoramento, caso contrário, a seleção recorrente recíproca (SRR) deve ser preferida (RESENDE; BARBOSA, 2005) (Figura 2).

Nesse mesmo sentido, outros autores como Bressiani et al. (2006) e Lingle et al. (2010) descrevem que os programas de melhoramento de cana-de-açúcar desenvolvem suas atividades num desenho comparável a seleção recorrente, estratégia que usa o mais rápido possível os novos clones superiores como genitores.

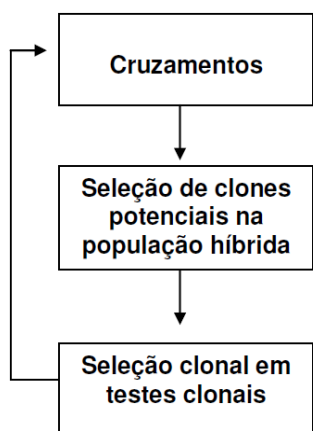


Figure 2. Esquema de SRI implícito para o melhoramento da cana-de-açúcar (RESENDE; BARBOSA, 2005).

A seleção recorrente permite o aumento gradativo da frequência dos alelos favoráveis por meio de ciclos sucessivos de seleção e recombinação dos melhores indivíduos das melhores progênes (ALLARD, 1971). Isso é relevante, dado que a maioria dos caracteres de importância agrônômica da cana-de-açúcar é controlada por vários genes. Portanto, a probabilidade de um clone vir a possuir todos os alelos favoráveis é muito baixa, logo surge à importância da recorrência.

Dada importância de explorar a capacidade geral de combinação (CGC) e a capacidade específica de combinação (CEC) é que se propõe aplicar a seleção recorrente recíproca (SRR) no melhoramento da cana-de-açúcar. Segundo Resende e Barbosa (2005) a SRR pode ser aplicada em dois níveis: (i) populacional, envolvendo o cruzamento de vários indivíduos de uma população com indivíduos da população recíproca; (ii) individual envolvendo apenas um indivíduo de cada população, os quais produzem um excelente cruzamento com alto valor genotípico e também alta CEC. Tais indivíduos originários de cruzamento superior são autofecundados produzindo duas populações S1 nas quais são selecionados indivíduos superiores para integrar um programa de seleção recorrente recíproca individual (SRRI).

A SRRI usando S1 é indicada para o melhoramento da cana-de-açúcar, pois visa explorar o máximo da CEC a partir da identificação prévia dos melhores cruzamentos por meio dos experimentos de avaliação de famílias. O emprego de indivíduos endógamos selecionados em famílias S1 visa eliminar a carga genética da população e explorar por mais um ciclo a combinação híbrida superior identificada previamente (RESENDE; BARBOSA, 2005).

2.8.3 Outras Metodologias

Há pelo menos 85 anos, a Genética, o Melhoramento de Plantas e a Biometria estão intimamente associados. A união dessas áreas do conhecimento originou a Genética Quantitativa. Pode ser facilmente comprovado que essas ciências tiveram uma participação expressiva na produção de alimentos, madeira, fibras, etc., para atender as necessidades do homem no último século.

Com o advento da técnica dos marcadores moleculares e do sequenciamento dos genomas, que iniciou a partir de 1974, vislumbrou-se a possibilidade de se realizar a seleção

diretamente no genótipo (DNA). Várias técnicas de laboratório foram implementadas para se obterem os marcadores moleculares e os processos de sequenciamento do DNA tiveram um crescimento explosivo, criando o que se denominou de era da genômica (RAMALHO; LAMBERT, 2004).

Atualmente, outras metodologias têm sido desenvolvidas e utilizadas no melhoramento da cana-de-açúcar com o objetivo de ganhar tempo e aumentar a velocidade de resposta dos programas, tanto nas fases iniciais como em fases mais avançadas e em diversas áreas da biologia de sistemas usando as ferramentas da biotecnologia e da estatística como: seleção assistida por marcadores moleculares (SUMAN et al., 2011), genômica funcional - transcriptoma (VETTORE et al., 2003; CARDOSO-SILVA et al., 2014); proteômica (MANNERS; CASU, 2011) e métodos estatísticos para otimizar a seleção com a predição genética computacional, REML/BULP, BLUPIS e BLUPIS modificado (RESENDE, 2002; RESENDE; BARBOSA, 2006; OLIVEIRA et al., 2011; BARBOSA et al., 2012; OLIVEIRA et al., 2013; LUCIUS et al., 2014; LOPES et al., 2014) e o Bayesiano (SILVA et al., 2013).

Entretanto, as ferramentas atuais da biotecnologia têm encontrado dificuldades quanto a natureza complexa do genoma da cana-de-açúcar por ser um poliploide com frequente aneuploidia Cardoso-Silva et al. (2014) além do aumento dos trabalhos de campo, relacionados à obtenção da grande quantidade de dados em nível de planta e ou das famílias (progênies).

Essas dificuldades, como já descrito anteriormente na seleção de famílias tem subordinando a utilização dessas metodologias, e, até o momento, tem apresentado pouco impacto no desenvolvimento de novas cultivares de cana-de-açúcar, viabilizando apenas mais informações complementares sobre as populações.

2.9 METODOLOGIAS DOS MODELOS MISTOS NO MELHORAMENTO DE PLANTAS

No melhoramento de plantas, as técnicas de avaliação genética desempenham papel fundamental predizendo valores genéticos aditivos e genotípicos dos candidatos à seleção, propiciando uma seleção mais acurada (RESENDE, 2002).

Tais aspectos são bastante relevantes, tendo em vista que as diferenças em nível de fenótipo entre genótipos agronomicamente superiores são cada vez mais estreitas. O

tratamento dos dados experimentais por metodologias de modelos mistos proporciona grande flexibilidade de análises e permite contornar dificuldades causadas por desbalanceamento por perda de parcela.

A teoria estatística desenvolvida para análise de dados desbalanceados por meio de modelos lineares tem sido amplamente estudada, principalmente sob o prisma dos modelos de efeitos fixos.

Ocorre no, entanto, que em muitas situações experimentais, conforme apresentado por Perri e Iemma (1996), um ou mais efeitos podem estar associados a processos de amostragem, pois nem sempre é possível levar em consideração toda a população. Efeitos desse tipo são, em geral chamados aleatórios, e caracterizam os modelos de efeitos aleatórios. Os modelos mistos de acordo com Milliken e Johnson (1992) são utilizados para descrever dados de experimentos cujas estruturas de tratamentos envolvem alguns efeitos que são fixos e outros que são aleatórios.

Nestes casos, Resende (2000) afirma que técnicas clássicas de análise muitas vezes não podem ser utilizadas ou por não atenderem às pressuposições necessárias, ou porque algumas observações foram perdidas, ou ainda porque o delineamento é excessivamente desbalanceado. Além disso, nos modelos mistos, algumas estruturas de variâncias e covariâncias consideram em sua formação tanto fatores fixos como aleatórios, que não podem ser estimados pelo método dos mínimos quadrados. Assim, segundo o autor, é necessário utilizar técnicas mais sofisticadas como a metodologia de modelos mistos, que avalia separadamente a parte fixa da aleatória.

A metodologia dos modelos mistos foi primeiramente proposta por Henderson (1948) para ser utilizada na avaliação genética de animais. Tal modelo é caracterizado por possuir um ou mais efeitos fixos, além da média geral e um ou mais efeitos aleatórios, além do erro experimental. O modelo misto possibilita modelar, simultaneamente, os efeitos fixos e aleatórios. Assim, é possível obter estimativas para os efeitos fixos e predições para os efeitos aleatórios. Para o último, o mais utilizado, atualmente, é o “melhor preditor linear não-viesado” (BLUP) (VIANA et al., 2010) pois permite a maximização dos ganhos genéticos a cada ciclo de seleção.

As principais vantagens do uso do método de modelos mistos na simultânea estimação de parâmetros genéticos e predição de valores genéticos são que: (a) pode ser aplicado a dados desbalanceados; (b) não exige dados obtidos sob estruturas rígidas de experimentação; (c) permite utilizar simultaneamente um grande número de informações provenientes de vários experimentos, gerando estimativas precisas; (d) corrige os dados para os efeitos

ambientais e prediz de maneira precisa e não viesado dos valores genéticos, conduzindo à maximização do ganho genético com seleção (RESENDE, 2002).

De acordo com Resende (2000) e Resende et al. (2001), a estimação de componentes da variância por máxima verossimilhança restrita (REML) e a predição de valores genéticos pela melhor predição linear não viesado (BLUP) tem sido, atualmente, o procedimento analítico padrão recomendado para os estudos em genética quantitativa e também para a prática da seleção em plantas perenes.

Na cana-de-açúcar, os trabalhos com modelos mistos têm sido cada vez mais frequentes na literatura, e os resultados obtidos vem se concentrado na predição para selecionar as melhores famílias (SINGH et al., 1981; SKINNER et al., 1987; KIMBERG; COX, 2003; BARBOSA et al., 2004; BARBOSA et al., 2005; RESENDE; BARBOSA, 2006; OLIVEIRA et al., 2008; PEDROZO et al., 2008; OLIVEIRA et al., 2011; LUCIUS et al., 2014; LOPES et al., 2014) na seleção entre e dentro das famílias (COX; HOGART, 1993; COX et al., 1996; STRINGER et al., 2011) e do número ótimo de genótipos a ser selecionados nas melhores famílias (OLIVEIRA et al., 2011).

REFERÊNCIAS

ALLARD, R.W. **Princípios do melhoramento genético das plantas**. São Paulo: Edgard Blüchner, 1971. 381p.

ANDRADE, J. A. **Escorço histórico de antigas variedades de cana-de-açúcar**. Maceió. ASPLANA. 1985, 288p.

ARRUDA, S.C. A história das grandes epifitias da cana-de-açúcar. **O biológico**. v.7. p.313-318. 1941.

BARBOSA, M.H.P.; RESENDE, M.D.V.; PETERNELLI, L.A.; BRESSIANI, J. A.; SILVEIRA, L.C.I.; SILVA, F.L.; FIGUEIREDO, I.C.R. Use of REML/BLUP for the selection of sugarcane families specialized in biomass production. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 4, p. 218-226. 2004.

BARBOSA, M. H. P.; RESENDE, M. D. V.; BRESSIANI, J. A.; SILVEIRA, L. C. I.; PETERNELLI, L. A. Selection of sugarcane families and parents by Reml/Blup. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 5, n. 4, p. 443-450, 2005.

BARBOSA, M.H.P.; SILVEIRA, L.C.I. da. Metodologias de seleção, progressos e mudanças no programa de melhoramento genético da cana-de-açúcar da Universidade Federal de Viçosa. **Revista da STAB**, v.18, p.30-32, 2000.

BARBOSA, M.H.P.; SILVEIRA, L.C.I. **Melhoramento genético e recomendação de cultivares**. In: SANTOS, F.; BORÉM, A.; CALDAS, C. (eds.) Cana-de-açúcar: Bioenergia, açúcar e álcool – Tecnologias e perspectivas. Viçosa, 2010. 577 p.

BARBOSA, G.V.S. **Contribuição do Melhoramento Genético da Cana-de-açúcar para a Agroindústria Canavieira de Alagoas**. 2014. 131p. Tese (Doutorado) Universidade Federal do Paraná, Curitiba. 2014.

BARBOSA M.H.P; RESENDE, M.D.V; DIAS, L.A.S; BARBOSA, G.V.S; OLIVEIRA, R.A; PETERNELLI, L.A; DAROS E. Genetic improvement of sugar cane for bioenergy: the Brazilian experience in network research with RIDESA. **Crop Breeding and Applied Biotechnology** S2: 87-98. 2012. Disponível em: http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1984-70332012000500010&lng=en&tlng=en.10.1590/S1984-70332012000500010. Acesso em 06 de maio 2014.

BARNES, A. C. **The sugar cane**. 2. ed. London: Leonar Hill Books, 1974. 572 p.

BASTOS, I. T. et al. Análise dialélica em clones de cana-de-açúcar. **Bragantia**, Campinas, v. 62, n. 2, p. 199-206, 2003. <http://dx.doi.org/10.1590/S0006-87052003000200004>

BERDING, N.; HOGARTH M.; COX, M. **Plant Improvement of Sugarcane**, In: James, G.L. (Ed.) Sugarcane. Victoria. Blackwell Science, 2ª ed., 2004. 20-53.

BNDES/CGEE. **Bioetanol de cana-de-açúcar: energia para o desenvolvimento sustentável**. Rio de Janeiro: BNDES, 2008. 316 p.

BOS, I.; CALIGARI, P. **Selection methods in plant breeding**. London: Chapman & Hall, 1995. 347p.

BRASIL. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. Projeções do Agronegócio: **Brasil 2012/2013 a 2022/2023 / Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento**. Assessoria de Gestão Estratégica. – Brasília: Mapa/ACS, 2013.96 p.

BRESSIANI, J.A. **Herdabilidade e repetibilidade dos componentes da produção na cultura da cana-de-açúcar**. Piracicaba, SP: ESALQ/USP. 68p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba. 1993.

BRESSIANI, JA **Seleção sequencial da cana-de-açúcar**. 2001. 134p. Tese (Doutorado) -. Universidade de São Paulo, Piracicaba. 2001.

BRESSIANI, J. A.; DA SILVA, J. A. ; VENCOSKY, R., SORDI, R. ; BURNQUIST, W. L. Combining high yields of cane and sucrose in sugarcane through recurrent selection. **Journal American Society Sugar Cane Technologist**, v.26, p. 26-37, 2006.

BREWBAKER, J.L. **Genética na agricultura**. São Paulo, Polígono, 1969. 217p.

BOND, R.S. Observations on family selection in the Mount Edgecombe sugarcane-breeding programmer. In: SOUTH AFRICAN SUGAR TECHNOLOGISTS ASSOCIATION ANNUAL CONGRESS, 63, Durban and Mount Edgecombe, 1989. Proceedings Mount Edgecombe: South African Sugar Technologists Association, 1989. p. 132-135.

BULL, J.K.; HOGARTH, D.M.; BASFORD, K.E. Impact of genotype x environment interactions on response to selection in sugarcane. **Australian Journal of Experimental Agriculture**, v.32, p. 731-737, 1992.

CARDOSO-SILVA, C.B.; COSTA, E.A.; MANCINI, M.C.; BALSALOBRE, T.W.A.; CANESIN, L.E.C.; PINTO, L.R.; CARNEIRO, M.S.; FRANCO-GARCIA, A.A.F.; SOUZA, A. P.; VICENTINI, R. Novo Assembly and Transcriptome Analysis of Contrasting Sugarcane Varieties. **Plos One**, v. 9, p. e88462, 2014.

CARNEIRO, M.S.; ROSA, J.R.B.F.; BARRETO, F.Z.; BALSALOBRE, T.W.A.; CHAPOLA, R.G.; VIEIRA, M.A.S.; BASSINELLO, A.I.; HOFFMANN, H.P. RB965902 and RB965917 Early/medium maturing sugarcane varieties. **Crop Breed. Appl. Biotechnol.** (Online) [online]. 2011, vol.11, n.3, pp. 280-285. ISSN 1984-7033. Disponível em:<<http://dx.doi.org/10.1590/S1984-70332011000300012>>. Acesso em: 10 de abril 2013.

CESNIK, R.; MIOCQUE, J. **Melhoramento da cana-de-açúcar**. Brasília: Embrapa, 2004. 307p.

CHAPOLA, R. G.; CRUZ, J. A.; NUNES, I. K.; FERNANDES JR., A. R. **Censo varietal 2012**. Araras: CCA-UFSCar, 2013. 55 p.

CHANG, Y.S.; MILLIGAN, S.B. Estimating the potential of sugarcane family to produce elite genotypes using bivariate prediction methods. **Theoretical and Applied Genetics**, v.84, p. 633-639, 1992.

CHAUDHARY, B.S.; SARIAL, A.K.; KADIAN, S.P.; MEHLA, A.S. Character correlation between seedling, settling and ratoon of seedling in five intervarietal crosses of sugarcane. **Proceedings sugar technologists Association of India**. v.52. p.55-58. 1989.

CHEAVEGATTI-GIANOTTO A.; ABREU H.M.C; ARRUDA, P.; BESPALHOK FILHO, J.C.; BURNQUIST, W.L.; CRESTE, S.; CIERO, L.; FERRO, J.A.; OLIVEIRA, F.A.V.; SOUSA, F.T.; GROSSI-DE-SÁ, M.F.; GUZZO, E.C.; HOFFMANN, H.P.; ANDRADE, L.M.G.; MARCELO, N.; MATSUOKA, S.; CASTRO, R.F.; ROMANO, E.; SILVA, W.J.; CASTRO, S.F.M.; CÉSAR, U.E. Sugarcane (*Saccharum X officinarum*): A Reference Study for the Regulation of Genetically Modified Cultivars in Brazil. **Tropical Plant Biology**, v. 4, p. 62-89, 2011.

CONAB. Acompanhamento da Safra Brasileira - Cana-de-açúcar. Quarto levantamento Safra 2013/2014. Brasília: CONAB, abril 2014. 19 p.

COPERSUCAR. Reunião técnica agronômica: **variedades de cana-de-açúcar e suas implicações na lavoura canavieira**. Piracicaba: Centro de Tecnologia COPERSUCAR, 1983. 63p.

COX, M.C; HOGARTH, D.M. Progress and changes in the South Queensland Variety Development Program. *Proc Int Soc Sugarcane Technol.* (1993), 15:251-255.

COX, M.C.; McRAE, T.A.; BULL, J.K.; HOGARTH, D.M. Family selection improves the efficiency and effectiveness of sugar cane improvement program. In: WILSON, J.R.; HOGARTH, D.M.; CAMPBELL, J.A.; GARSIDE, A.L. (Ed.). *Sugarcane: research towards efficient and sustainable production*. Brisbane: CSIRO Division of Tropical Crops and Pastures, 1996. p.42-43.

COX, M.C; STRINGER, J.K. Efficacy of early generation selection in a sugarcane improvement program. **Proceedings of Australian Society Sugarcane Technologists** 20: (1998), 148-153

COX M.; HOGARTH M.; SMITH, G. (2000) CANE BREEDING AND IMPROVEMENT. IN: HOGARTH M.; ALLSOPP, P. (EDS.) *Manual of cane growing*. PK Editorial Service, Brisbane, P. 91-108

COX, M. C; STRINGER, J. K. Analysis of sugarcane productivity data: increases from new cultivars and improved management in Australia. In: MERCER, C. F. (Ed.). **AUSTRALASIAN PLANT BREEDING CONFERENCE**, 13. 2006, Christchurch. **Proceedings...** Christchurch: 2006, p. 1-5.

CUENYA, M.I.; MARIOTTI, J.A. Repetibilidad de la expression en etapas tempranas de seleccion en progenies hibridas de caña de azucar (*Saccharum* spp.). **Revista Industrial y Agrícola de Tucumán**. v.70. n.1-2. p.41-48. 1993.

DAROS, E; ZAMBON, J.L.C; OLIVEIRA R; BESPALHOK-FILHO, J.C. (eds.) **Liberção nacional de novas variedades “RB” de cana-de-açúcar**. AJIR, 2010, Curitiba, 64p.

DAL-BIANCO, M.; SAMPAIO-CARNEIRO, M.; TAKESHI-HOTTA, C.; GIACOMINI-CHAPOLA, L.; HOFFMANN, H. P.; FRANCO-GARCIA, A. A.; MENDES-SOUZA, G. (2012). Sugarcane improvement: how far can we go? **Current Opinion in Biotechnology**, v.23, p.265-270, 2012. Disponível em <http://dx.doi.org/10.1016/j.copbio.2011.09.002>. Acesso em: 10 jan. 2014.

DIAS, L.A.S. Biofuel plant species and the contribution of genetic improvement. **Crop Breeding and Applied Biotechnology** S1: 16-26. 2011.

DINARDO-MIRANDA, L.L. (EDS.); VASCONCELOS, A.C.M. (Eds.); LANDELL, M. G. A. (Eds.). **Cana-de-açúcar**. 1 ed. 1ª reimpressão. Campinas: Instituto Agrônomo, 2010. 882p.

DUTRA FILHO, J.A.; QUIRINO, B.G.; ROCHA, MA.P.; SILVA, L.J.; SIMOES, N.D.E.; CHAVES, A.; GOMES, S., FRANK, S. Estimativa do ganho por seleção para produtividade em famílias de cana-de-açúcar. **Comunicata Scientiae**, vol. 3(1), p.35-40. 2012.

EBERHART, S.A.; RUSSELL, W.A. Stability parameters for comparing varieties. **Crop Science** 6: 36-40. 1966.

EISENBERG, P.L. Modernização sem mudança: **A indústria açucareira em Pernambuco, 1840/1910**. Editora Paz e Terra. Campinas. 1977. 294p.

ETHIRAJAN, A.S. Sugarcane hybridization techniques. In: **Coopersucar Int. Sugarcane Breeding Workshop**. São Paulo: Copersucar. p. 129-147. 1987.

FALCONER, D.S. **Introdução a genética quantitativa**. México, Continental, 1972. 430p.

FALCONER, D.S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa: UFV. 1981, 279 p.

FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F.C. **Introduction to quantitative genetics**. 4.ed. Edinburgh: Longman Group Limited. 1996. 464 p.

FERNANDES, A.C.; MACHADO Jr. G.R.; SORDI, R.A.; RAIZER, A.J.; BENTO, M.I.C.; MENDONÇA, J.R. **Recomendações para cultivo da terceira geração de variedades SP**. V Seminário de tecnologia agrônoma. Copersucar. 1991. p.35-60.

FERNANDES, A.C.; SOUZA, P.F. Análise direta da cana-de-açúcar em ensaios de competição de variedades através do NIR. VII Seminário Copersucar de Tecnologia Agrônoma. p.37-44. 1997.

FERNANDES, A.C. **Cálculos na agroindústria da cana-de-açúcar**. 2th ed., EME, Piracicaba, 2003. 240p.

FAOSTAT. Food and agricultural commodities production. Disponível em <<http://faostat.fao.org/DesktopDefault.aspx?PageID=339&lang=en>>. 2013. Acesso em: 10 abri. 2014.

GARCIA, A.A.F.; MOLLINARI, M.; MARCONI T.G.; SERANG, O.R.; SILVA, RENATO, R. VIEIRA, M.L.C.; VICENTINI, R.; COSTA, E.A.; MANCINI, M.C.; GARCIA, M.O.S.; PASTINA, M.M.; GAZAFFI, R.; MARTINS, E.R.F.; DAHMER, N.; SFORÇA, D.A.; SILVA, C.B.C.; BUNDOCK, P.; HENRY, R. J.; SOUZA, G.M.; SLUYS, M.V.; LANDELL, MARCOS G.A.; CARNEIRO, M.S.; VINCENTZ, M.A.G.; PINTO, L.R.; VENCOSKY, R.; SOUZA, A.P. SNP genotyping allows an in-depth characterization of the genome of sugarcane and other complex autopolyploids. **Scientific Reports**, v. 3, p. 3399, 2013.

GEORGE, E.F. **An experiment to assess the effect of competition between sugar cane clones at the microplot stage of selection.** In: INTERNATIONAL SOCIETY OF SUGAR CANE TECHNOLOGISTS CONGRESS, 12. San Juan, 1965. Proceedings. Amsterdam: Elsevier, 1967. p. 920-930.

GOMES, F. P.; LIMA, U. A. **A cana-de-açúcar no mundo. In: cultura e adubação de cana-de-açúcar.** Instituto brasileiro de potassa. São Paulo. 1964, p. 11-26.

GOUY, M. et. al. Experimental assessment of the accuracy of genomic selection in sugarcane **Theoretical and Applied Genetics**. 126, 10: p. 2575-2586, 2013.

HAMBLIN, J.; FISHER, H.M.; RIDINGS, H.I. The choice of locality for plant breeding when selecting for high yield and general adaptation. **Euphytica**, v.26, p. 161-168, 1980.

HENDERSON, C.R. **Estimation of general, specific and maternal combining abilities in Crosses among inbred lines of swine.** Ph.D. Thesis, Iowa State University, Ames, 1948.

HOGARTH, D. M. Quantitative inheritance studies. II. Correlation and predicted response to selection. **Journal of dairy science**. 22:103-109. 1971.

HOGARTH, D.M.; BULL, J.K. The implications of genotype x environment interactions for evaluating sugarcane families. I. Effect on selection. In: KANG, M.S. **GE Interaction and Plant Breeding**. Baton Rouge: Louisiana State University, 1990. p. 335-346.

HOGARTH, D.M., COX, M.C., BULL, J.K. Sugarcane improvement: **Past achievements and future prospects.** In: KANG, M.S. Crop Improvement for the 21st Century. Baton Rouge: Louisiana State University, 1997. p. 29-56.

HOFSETZ, K.; SILVA M.A. Brazilian sugarcane bagasse: Energy and non-energy consumption. **Biomass Bioenerg**, v.46, p.564-573, 2012.

IAIA, M.A. OLIVEIRA, R.A.; MELO, L.J.O.T.; DAROS, E.; SIMÕES NETO, D.E.; BASTOS, G.Q.; OLIVEIRA, F.J.; CHAVES, A.; MELO, T.T.A.T. RB002504 – Nova cultivar de cana-de-açúcar de maturação precoce. *Crop Breed. Appl. Biotechnol.* No plero.

JACKSON, P. A.; McRAE, T. A. Gains from selection of broadly adapted en specifically adapted sugarcane families. **Field Crops Research.** v. 59, p.151-162, 1998.

JACKSON, P.A.; McRAE, T.A. ; HOGARTH, D.M. Selection of sugarcane families across variable environments. I. Sources of variation and an optimal selection index. **Field Crops Research**, v. 43, p. 109-118, 1995.

JACKSON, P. A. Breeding for improved sugar content in sugarcane. **Field Crops Research**, v.92, p.277-290, 2005

JAMES, N.I.; MILLER, J.D. Selection in two seedlings crops of four sugarcane progenies. **Crop Science.** v.11. p.245-248. 1971.

JAMES, N.I. Yield components in random and selected sugarcane populations. **Crop Science.** v.11. n.6. p. 906-908. 1971.

JAMES, G. L. **An Introduction to Sugarcane.** In: JAMES, G. L. (Ed.). *Sugarcane*. 2. ed. Victoria: Blackwell Science, 2004, p. 1-19.

JUNQUEIRA, A.A.B.; DANTAS, B. **A cana-de-açúcar no Brasil.** In: Malavolta, E. et al. (eds). *Cultura e adubação da cana-de-açúcar*. São Paulo: Instituto Brasileiro de Potassa. 1964. p.27-60.

KANG, M.S.; MILLER, J.D.; TAI, P.Y.P. 1983. Genetic and phenotypic path analysis and heritability in sugarcane. **Crop Science.** v.23. p.643-647. 1983.

KIMBERG, C.A.; COX, M.C. Early generation selection of sugarcane families and clones in Australia: a review. **Journal of the American Society of Sugar Cane Technologists**, v.23, p.20-39, 2003.

LADD, S.L.; HEINZ, D.J.; MEYER, H.K. AND NISHIMOTO, B.K. Selection studies in sugarcane (*Saccharum* sp hybrids). I. Repeatability between selection stages. *Proc. Cong. Int. Soc. Sugar Cane Technol.* 15: 102-105. 1974.

LASCANO, O.G.; MARIOTTI, J.A. Estudios de seleccion em la etapa de plantines individuales en cana de azucar (I). Asociaciones fenotipicas entre caracteres em el primer corte. **Revista Industrial y Agrícola de Tucumán**. v.47. n.1. p.35-45, 1970.

LANDELL, M. G. A.; BRESSIANI, J. A. Melhoramento genético, caracterização e manejo varietal. In: DINARDO-MIRANDA, L. L., VASCONCELOS, A. C. M.; LANDELL, M. G. A. (Eds.). **Cana-de-açúcar**. Campinas: IAC, 2008. p. 101-179.

LINGLE, S. E.; JOHNSON, R. M.; TEW, T. L.; VIATOR, R. P. Changes in juice quality and sugarcane yield with recurrent selection for sucrose. **Field Crops Research**, v.118, p. 152-157, 2010.

LOPES, V. R.; BESPALHOK FILHO, J.C.; DAROS, E.; OLIVEIRA, R.A.; OLIVEIRA, R.A.; GUERRA, E.P. Multivariate genetic divergence among sugarcane clones by multivariate analysis associated with mixed models. Semina. **Ciências Agrárias (Online)**, v. 35, p. 125, 2014.

LUCIUS, A. S. F.; OLIVEIRA, R.A.; DAROS, E.; BESPALHOK FILHO, J.C.; ZAMBON, J.L.C.; VERISSIMO, M. A.A. Desempenho de famílias de cana-de-açúcar em diferentes fases no melhoramento genético via Reml/Blup. Semina. **Ciências Agrárias (Impresso)**, v. 35, p. 101-112, 2014.

LUSH, J. L. Family merit and individual merit as basis for selection. **American Naturalist**, V. 80, p. 318-342, 1947.

MACHADO Jr., G.R.; SILVA, W.M.; IRVINE, J.E. **Sugarcane breeding in Brazil: the copersucar program**. In: Copersucar International Sugarcane Breeding Workshop. São Paulo: Copersucar. 1987. p.217-232.

MACHADO Jr., G. R. Re: Programas de melhoramento genético em atividade [mensagem pessoal]. Mensagem recebida por rossi@canevarieties.com em 21 abril 2014.

MANGLESDORF, A.J. 'Sugarcane breeding in Hawaii'. **Hawaii Plant**. Rec. v.54, p.101-162, 1953.

MANNERS, J.M.; CASU, R.E. Análise do transcriptoma e genômica funcional de cana. **Trop Planta Biol**, 4, pp 9-21. 2011.

MARTINS, F.A.; DOS SANTOS, M. L.; FERRERA, DE L.J. Importância do Agronegócio para o Crescimento Econômico de Brasil e Estados Unidos. **Gestão & Regionalidade** [Online], 28 (Encero-Abril) 2012. Disponível em <<http://www.redalyc.org/articulo.oa?id=133423642002>>. Acesso em: 13 jan. 2014.

MARIOTTI, J.A. Estudio estadístico en las poblaciones derivadas de cinco cruzamientos en caña de azúcar. **Rev. Ind. Agr. de Tucumán**, 45 (3): 95-151. 1968.

MARIOTTI, J.A. Experiências de selection clonal em caña de azúcar en la provincia de Jujuy. II – Repetibilidad y heredabilidad de caracteres de interesse agrônomico. **Rev. Agro. N. O. Argentina**, Argentina, v.10 (1-2): p.61-73. 1973.

MARIOTTI, J.A. Sugarcane clonal selection research in Argentina. A review of experimental results. Proceedings of the XVI Congress. São Paulo, Brasil.p.121-136. 1977.

MARIOTTI, J. A.; CUENYA, M. I.; SALAS, M. B. G. Análisis de componentes familiares e intra-familiares em progênies de combinaciones biparentales de cana de azúcar (*Saccharum* spp.). **Revista Industrial y Agrícola de Tucumán**, v.76, p.52-57, 1999.

McRAE, T.A.; HOGATH, D.M.; FOREMAN, J.W.; BRAITHWAITE, M.J. Selection of sugarcane seedling families in burdening district. In: AUSTRALIAN PLANT BREEDING CONFERENCE, 10. Gold Coast, 1993. Proceedings. Gold Coast:The Organizing Committee, 1993. v.1, p. 77-82.

McRAE, T.A.; JACKSON, P.A. Selection of sugarcane families for the Burdekin River irrigation area. In: AUSTRALIAN SOCIETY OF SUGAR CANE TECHNOLOGISTS CONFERENCE, 17. Bundaberg, 1995. Proceedings. Brisbane: Watson Ferguson, 1995. p. 134-141.

McRAE, T. A.; ERQUIAGA, D. L.; JENSEN, L. F.; RATTEY, A. R.; STRINGER, J. K. BSES sugarcane breeding program in the Burdekin. In: AUSTRALIAN SOCIETY OF SUGAR CANE TECHNOLOGISTS CONFERENCE, 20. Ballina, 1998. Proceedings. Brisbane: Watson Ferguson, 1998. p. 196-203.

MELO, L.J.O.; DAROS, E.; SIMÕES NETO, D.E.; CHAVES, A.; SILVA, L.J.; SILVA, A.E.P.; MELO, T.T.A.T. CULTIVAR RELEASE - RB962962, a sugarcane cultivar for late harvest. **Cbab - Crop Breeding and applied Biotechnology**. 2014. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.1590/1984-70332014v14n2c23>. Acessado em: 10/06/2014.

MILLIKEN, G.A.; JOHNSON, D.E. **Analysis of messy data**. New York: Chapman & Hall. 1992. v.1. 473p.

MING, R.; MOORE, P. H.; WU, K.-K.; D'HONT, A.; GLASZMANN, J. C.; TEW, T. L.; MIRKOV, T. E.; DA SILVA, J.; JIFON, J.; RAI, M.; SCHNELL, R. J.; BRUMBLEY, S. M.; LAKSHMANAN, P.; COMSTOCK, J. C.; PATERSON, A. H. **Sugarcane improvement through breeding and biotechnology**. In: J. Janick (Ed.) Plant breeding reviews. Oxford. John Wiley & Sons, 2006. 27, 15-118.

MORAES, M. F. **Avaliação de progênes na fase inicial T1, para indicação de Genitores elites de cana-de-açúcar para Pernambuco**. Recife-PE: 2008. 82p. Dissertação (Mestrado em Agronomia), Universidade Federal Rural de Pernambuco.

MUKERJEE, S.K. Origin and distribution of *Saccharum*. Bot. Gaz. 1957, 119: 55-61.

NAIDU, K.M.; SREENIVASAN, T.V. Conservation of sugarcane germplasm. In: **Coopersucar International Sugarcane Breeding Workshop**. São Paulo: Copersucar. p. 33-53. 1987.

NYKO, D.; VALENTE, M. S.; MILANEZ, A. Y.; TANAKA, A. K. R.; RODRIGUES, A. V.P. A evolução das tecnologias agrícolas do setor sucroenergético: estagnação passageira ou crise estrutural? BNDES Setorial/**Bioenergia**, Rio de Janeiro, v.37, p. 399-442, 2013.

OTICICA, J. Sugarcane Experiment Station. Northeast Brazil. **Sugar Journal**. v.39. n.12. P.16-17. 1977.

OLIVEIRA, R.A; DAROS, E; BESPALHOK-Filho, J.C; ZAMBON, J.L.C; IDO, O.T. WEBER, H. RESENDE, M.D.V. ZENI-NETO, H. Seleção de famílias de cana-de-açúcar via modelos mistos. **Scientia Agraria**, v.9, n.3, p.269-274, 2008.

OLIVEIRA, R. A.; DAROS, E.; RESENDE, M. D. V.; BESPALHOK-FILHO, J. C.; ZAMBON, J. L. C.; DE SOUZA, T. R.; FERNANDEZ LUCIUS, A. S. Procedimento Blupis e seleção massal em cana-de-açúcar. **Bragantia**, Campinas, v. 70, n. 4, p. 1-5, 2011.

OLIVEIRA, R.A.; DAROS, E.; RESENDE, M.D.V.; BESPALHOK- FILHO, J.C.; ZAMBON, J.L.C.; RUARO, L.; IDO, O.T. Early selection in sugarcane family trials via BLUP and BLUPIS procedures - doi: 10.4025/actasciagron.v35i4.16430. **Acta Scientiarum. Agronomy (Online)**, v. 35, p. 427-434, 2013.

OLIVEIRA, R. A.; RESENDE, M. D. V.; DAROS, E.; BESPALHOK-FILHO, J. C.; ZAMBON, J.L. C.; IDO, O. T.; WEBER, H.; KOEHLER, H. S. Genotypic evaluation and selection of sugarcane clones in three environments in the State of Paraná. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.5, p.426-434, 2005.

ORTIZ, R.; CABALLERO, A. Effectiveness of early sugarcane selection procedures in Cuba. In: INTERNATIONAL SOCIETY OF SUGAR CANE TECHNOLOGISTS CONGRESS, 20. São Paulo, 1989. Proceedings. São Paulo: The Organizing Committee, 1989. p. 932-937.

OVALLE, W.; COMSTOCK, J.C.; GLYNN, N.C.; CASTLEBURY, L.A. First report of *Puccinia kuehnii*, causal agent of orange rust of sugarcane, in Guatemala. **Plant Disease**, Saint Paul, v. 92, n. 6 p. 973, 2008.

PEDROZO, C. A. **Eficiência da seleção em fases iniciais do melhoramento da cana-de-açúcar**. Viçosa-minas gerais: 2006. 102p. Dissertação (mestrado em genética e melhoramento), Universidade Federal de Viçosa.

PEDROZO, C. A. et al. Eficiência da seleção em fases iniciais do melhoramento da cana-de-açúcar. *Revista Ceres*, v. 55, n. 1, p. 001, 2008.

PEDROZO, C. A.; BARBOSA, M. H. P.; SILVA, F. L.; RESENDE, M. D. V.; PETERNELLI, L. A. Repeatability of full-sib sugarcane families across harvests and the efficiency of early selection. **Euphytica**, v. 182, n. 3, p. 423-430, 2011.

PEIXOTO, A.A. Considerações sobre história e genética da cana-de-açúcar, é uma tese sustentada em 1842. **Brasil Açucareiro**, v.82, n.5, 1973.

PERRI, S.H.V.; IEMMA, A.F. **Ajuste de modelos mistos através do sistema estatístico SAS**. Piracicaba: Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo. 1996. 75p.

PIPERIDIS, N.; PIPERIDIS, G.; D’HONT, A. Molecular cytogenetics. In: Henry, R. J. Kole, C. (Eds.) **Genetics, genomics and breeding of sugarcane**. New York. Science Publishers. 2010, p. 09-18.

RAM, B.; CHAUDHARY, B.S.; SINGH, S. Repeatability of important traits among seedlings, ratoon of seedlings e settling stages in sugarcane (*Saccharum* species). **Indian Journal of Agricultural Sciences**. v.66. n.9. p.546-548. 1966.

RAMALHO, M.A.P., LAMBERT, E.S. Biometria e o melhoramento de plantas na era da genômica. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, v3, p.221-242, 2004.

RAMALHO, M.A.P.; DIAS, L.A. dos S.; CARVALHO, L. de B. Contributions of plant breeding in Brazil: progress and perspectives. **Crop Breed. Appl. Biotechnol.** Viçosa, v.12, n. SPE, dezembro de 2012. Disponível em <http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1984-70332012000500012&lng=en&nrm=iso>. Acesso em: 11 dez. 2013.

REIS, E.F. **Ganhos preditos e realizados, por diferentes estratégias de seleção, em populações de soja (*Glycine max* (L.) Merrill).** 2000. 120p. Tese (Doutorado). Universidade Federal de Viçosa. Viçosa, 2000.

RESENDE, M.D.V. Análise estatística de modelos mistos via REML/BLUP na experimentação em melhoramento de plantas perenes. Colombo: Embrapa Florestas, n.47, p.1-101, 2000. (Documentos 47) 102p.

RESENDE, M.D.V.; FURLANI-JUNIOR, E.; MORAES, M.L.T.; FAZUOLI, L.C. Estimção de parâmetros genéticos e predição de valores genotípicos no melhoramento do cafeeiro pelo procedimento REML/BLUP. **Bragantia**, Campinas, v.60, p.185-193. 2001.

RESENDE, M.D.V. Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes. Colombo: **EMBRAPA** Floresta; Brasília: Informação Tecnológica, 2002. 975p.

RESENDE, M.D.V.; BARBOSA, M.H.P. **Melhoramento genético de plantas de propagação assexuada.** Colombo: Embrapa Informação Tecnológica, 2005. 130p.

RESENDE, M. D. V.; BARBOSA, M. H. P. Selection via simulated Blup base on family genotypic effects in sugarcane. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 41, n. 3, p. 421-429, 2006.

REDDY, C.R.; REDDI, M.V. Degree of genetic determination, correlation and genotypic and phenotypic path analysis of cane and sugar yield in sugarcane. **Indian Journal Genetic**. v.46. n.3. p.550-557. 1986.

ROACH, B.T.; DANIELS, J. A review of the origin e improvement of sugarcane. In: **Coopersucar International Sugarcane Breeding Workshop**. São Paulo: Copersucar. p. 1-31. 1987.

SCORTECCI K.C. et. al. Challenges, opportunities and recent advances in sugarcane breeding, in **Plant Breeding**, (ed) Abdurakhmonov. I. Y. editor. (London, UK: In Tech). 2012. <<http://www.intechopen.com/books/plant-breeding/challenges-opportunities-and-recent-advances-in-sugarcane-breeding>>. Acesso em: 12 dez. 2013.

SEGALLA, A.L. Botânica, melhoramento e variedades. In: Malavolta, E. et al. (eds). **Cultura e adubação da cana-de-açúcar**. São Paulo: Instituto Brasileiro de Potassa. 1964, p.61-98.

SHARMA, M.L.; SINGH, P. Selection effect of heritability and association in sugarcane (*Saccharum officinarum*) of important traits. **Indian Journal Agricultural Sciences**. v.68. n.7. p. 355-357. 1998.

SINGH, H.N.; SINGH, S.B.; SINGH, T.K. Selection parameters in sugarcane. **Indian Journal Agricultural Sciences**. v.51. n.8. p. 562-566. 1981.

SILVA, M. A. G.; PETERNELLI, L.A.; NASCIMENTO, M.; SILVA, F.L. Modelos mistos na seleção de famílias de cana-de-açúcar aparentadas sob o enfoque clássico e bayesiano. **Revista Brasileira de Biometria**, v. 31, p. 1-12, 2013.

SILVEIRA, L.I.; KIST, V.; DE PAULA, T.O.M.; BARBOSA, M.H.P.; PETERNELLI, L.A.; DAROS, E. Ammi analysis to evaluate the adaptability and phenotypic stability of sugarcane genotypes. **Scientia Agrícola** (USP. Impresso), v. 70, p. 27-32. 2013.

SILVEIRA, L.C.I.; BARBOSA, M.H.P.; KIST, V.; DAROS, E. PETERNELLI, L.A.S.; SOUZA, V.F.M.; RIBEIRO, S.N.N.; VILARINHO, F.M. Sugarcane: cultivar RB937570. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, 12(2), 160-163. (2012). Disponível em: <http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1984-70332012000200011&lng=en&tlng=en>. 10.1590/S1984-70332012000200011. Acesso em 16 abril 2014.

SKINNER, J. C. Efficiency of bunch-planted and single-planted seedlings for selecting superior families in sugarcane. **Euphytica**, v. 31, n. 2, p. 523-537, 1982.

SKINNER, J.C.; HOGARTH, D.M.; WU, K.K. Selection methods, criteria, and indices. In: HEINZ, D.J. (ed.). **Sugarcane improvement through breeding**. Amsterdam: Elsevier. P.409-453. 1987.

STRINGER, J.K.; COX, M.C.; ATKIN, F.C.; WEI, X.; HOGARTH, D.M. Family selection improves the efficiency and effectiveness of selecting original seedlings and parents. **Sugar Tech** 13(1):36-41. 2011.

SUMAN, A.; ALI K, A.J.; PARCO A.S.; KIMBERG, C. A.; BAISAKH, N. Molecular diversity among members of the *Saccharum* complex assessed using TRAP markers based on lignin-related. **Genes Bio Energy Res**, doi:10.1007/s12155-011-9123-9. 2011.

SUKARSO, G. Assessment of family selection on original seedlings of sugarcane at Pasuruan. In: INTERNATIONAL SOCIETY OF SUGAR CANE TECHNOLOGISTS CONGRESS, 19, Jakarta, 1986. Proceedings. Jakarta: The Organizing Committee, 1986. p. 440-446.

TAI, P.Y.P.; MILLER, J.D. Family performance at early stages of selection and frequency of superior clones from crosses among Canal Point cultivars of sugarcane. **Journal of the American Society of Sugar Cane Technologists**, v.9, p. 62-70, 1989.

URATA, R. Seedling propagation and bunch size for field transplanting. Hawaii. **Sugar Plant**. Assoc. Exp. Sta., Annu. Rep.12p. 1969.

VELA-CARDENAS, M.; FREY, K.J. Optimum environment for maximizing heritability and genetic gain from selection. **Iowa State Journal of Science**, v. 46, p. 381-394, 1972.

VIANA, J.M.S.; SOBREIRA, F.M.; RESENDE, M.D.V.; FARIA, V.R. Multi-trait BLUP in half-sib selection of annual crops. **Plant Breeding**, v.129, n.6, p.599-604, 2010.

VETTORE, A.L.; SILVA, F.R.; KEMPER, E.L.; SOUZA, G.M.; SILVA, A.M.; FERRO, M.I.T.; HENRIQUE-SILVA, F.; GIGLIOTI, E.A.; LEMOS, M.V.F.; COUTINHO, L.L. Analysis and functional annotation of an expressed sequence tag collection for tropical crop sugarcane. **Genome Res** 13:2725–273. 2003.

WU, K.K.; TEW, T.L. Evaluation of sugarcane crosses by family yields. In: INTERNATIONAL SOCIETY OF SUGAR CANE TECHNOLOGISTS CONGRESS, 20. São Paulo, 1989. Proceedings. São Paulo: The Organizing Committee, 1989. p. 925-930.

WACLAWOVSKY, A. J.; SATO, P. M.; LEMBKE, C. G.; MOORE, P. H.; SOUZA, G. M. Sugarcane for bioenergy production: an assessment of yield and regulation of sucrose content. **Plant Biotechnology Journal**, v.8, p.263-276, 2010. Disponível em <<http://dx.doi.org/10.1111/j.1467-7652.2009.00491.x>>. Acesso em: 04 mar. 2014.

YADAV, D. V.; JAIN, R.; RAI, R. K. Impact of heavy metals on sugarcane. In I. Sherameti, A. Varma (Eds.), **Soil Heavy Metals-Soil Biology**, 19, 2010. p. 339-367. Heidelberg,

ZACARIAS, C.A.B. **Estimação de parâmetros genéticos e fenotípicos em clones de cana-de-açúcar (*Saccharum spp*) e suas implicações no melhoramento**. Piracicaba, SP. ESALQ/USP. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba. 82p. 1977.

3. CAPÍTULO I – ABORDAGEM FENOTÍPICA NO SISTEMA SIMPLIFICADO DE SELEÇÃO EM CANA-DE-AÇÚCAR

RESUMO

O objetivo deste trabalho foi avaliar a seleção antecipada pelo vigor da planta realizada em *seedlings* aos 90 dias após o semeio no Sistema Simplificado de Seleção. A pesquisa foi realizada na Microrregião da Mata Setentrional de Pernambuco durante o ano agrícola 2010/2011, em quatro etapas consecutivas com a mesma população amostrada: a) cruzamentos genéticos; b) Semeio da cariopse (semente verdadeira) em caixas; c) seleção antecipada de *seedlings* aos 90 dias após o semeio e transplante para garrafas pet; d) seleção nas garrafas pet, clonagem e plantio em campo. Avaliou-se os seguintes caracteres: estatura de colmo, diâmetro de colmo, número de colmos, brix e massa de colmo. A seleção fenotípica foi realizada em plantas individuais formando dois grupos: *seedlings* qualificados (SQ) pelas plantas de maior vigor e *seedlings* não qualificados (SNQ) pelas plantas de menor vigor, selecionados através do Sistema Simplificado de Seleção (SSS) aos 90 dias após o semeio. Os resultados foram submetidos a análise descritiva e de correlações simples. As análises pelo Teste t revelaram efeito altamente significativo $p < 0,01$ entre os grupos para a maioria dos caracteres estudados. O Sistema permitiu a seleção e o descarte de genótipos já antes das etapas de avaliação em campo. Houve concordância da seleção de genótipos dos grupos *seedlings* qualificados (SQ) e *seedlings* não qualificados (SNQ).

Palavras-chave: *Saccharum* spp., concordância, vigor de *seedlings*,

APPROACH PHENOTYPIC ON SYSTEM SIMPLIFIED SELECTION IN CANE SUGAR

ABSTRACT

The objective of this study was to evaluate the early selection for plant vigor held on seedlings at 90 days after sowing in Simplified Selection System. The survey was conducted in the micro-region of the Northern Forest of Pernambuco during the agricultural year 2010/2011 in four consecutive stages with the same population sampled: a) genetic crosses; b) Seeding caryopsis (true seed) boxes; c) early selection of seedlings at 90 days after sowing and transplantation for PET bottles; d) Selection in pet bottles, cloning and planting in the field. We evaluated the following characters: stem height, stem diameter, number of stems, stem brix and mass. Phenotypic selection was performed on individual plants forming two groups: qualified seedlings (SQ) by plants most vigorous seedlings and unskilled (SNQ) by plants of low vigor, selected through the Simplified Selection System (SSS) at 90 days after sowing. The results were analyzed using descriptive analysis and simple correlations. Analyses by t test revealed highly significant effect $p < 0.01$ between groups for most characters. The system allowed the selection and discarding genotypes already before the stages of field evaluation. Was no concordance on the selection of genotypes of seedlings qualified groups (SQ) and unskilled seedlings (SNQ).

Key words: *Saccharum* spp., concordance, *seedling* vigorous.

3.1 Introdução

No melhoramento genético da cana-de-açúcar, a seleção é essencialmente baseada sobre o fenótipo que é a caracterização chave da planta. Para Falconer e Mackay (1996), a seleção visual é definida como um termo frequentemente utilizado para a seleção individual. Para Oliveira et al. (2011) a seleção visual é realizada na etapa de *seedlings* e de forma indireta sobre caracteres secundários como estatura da planta, diâmetro, número de colmos e o brix (sólido solúveis totais), todos correlacionados positivamente com o caráter principal que é a produtividade agrícola.

A poliploidia, a aneuploidia (GOUY et al., 2013), o *pool* gênico entre as cultivares comerciais de cana-de-açúcar e as complexas interações com o ambiente (SKINNER et al., 1987), subordinam o melhoramento clássico a um longo período de 12 a 15 anos (BARBOSA et al., 2005) necessários para o desenvolvimento de um novo genótipo comercial.

Diferentes estudos foram utilizados com metodologias para a prática de seleção no melhoramento da cana-de-açúcar nas etapas iniciais, dentre os quais se podem citar: Seleção Combinada através de Índices (LUSH, 1947; PEDROZO et al., 2008), a Seleção Sequencial Australiana (McRAE et al., 1998) e a Seleção Sequencial Modificada (BRESSIANI, 2001). Esses estudos apresentaram poucas vantagens sobre a seleção visual, com índices de seleção ainda considerados baixos e também aumento dos trabalhos de campo sem a redução das áreas, além de incremento dos custos e sem a diminuição do tempo necessário para liberação de novas cultivares.

Com isso, o melhoramento genético clássico para a cana-de-açúcar é uma atividade laboriosa e de longo prazo (VANJA et al., 2004; DAL-BIANCO et al., 2011), tornando difícil o aperfeiçoamento e aplicação das ferramentas de seleção em campo.

Diante da complexidade do problema abordado, foi desenvolvido o Sistema Simplificado de Seleção (SSS), que usa como estratégia principal a seleção antes das etapas de campo, permitindo o descarte e a seleção antecipada de *seedlings* em populações iniciais, buscando assim alcançar ganhos expressivos de seleção nas etapas posteriores, com a vantagem de redução significativa no tempo para liberação de novas cultivares. O objetivo deste trabalho foi avaliar a seleção antecipada pelo vigor da planta realizada em *seedlings* aos 90 dias após o semeio no Sistema Simplificado de Seleção.

3.2 Material e Métodos

A pesquisa foi realizada na Microrregião da Mata Setentrional de Pernambuco durante o ano agrícola 2010/2011, em quatro etapas consecutivas com a mesma população amostrada: a) cruzamentos genéticos; b) Semeio da cariopse (semente verdadeira) em caixas; c) seleção antecipada de *seedlings* aos 90 dias após o semeio e transplante para garrafas pet; d) seleção nas garrafas pet, clonagem e plantio em campo.

A cariopse foi proveniente dos cruzamentos genéticos biparentais (BP), múltiplos (MP) e de autofecundação (*Self-Pop*) discriminados na Tabela 1, foram obtidas na Estação Experimental de Floração e Cruzamento de Devaneio (EEFCD), situada em Amaraji, Pernambuco, localizada a 08°19,8'S, 35°24,8'W, 514m de altitude, que está vinculada à Universidade Federal Rural de Pernambuco (UFRPE), pertencente à Rede Interuniversitária para o Desenvolvimento do Setor Sucroenergético (RIDESA).

A segunda e terceira etapas foram conduzidos na Estação Experimental de Cana-de-açúcar do Carpina (EECAC), município do Carpina (07°35' S e 34°15'W, altitude 180 m) sob condições controladas em casa de vegetação, estaleiro e em garrafas pet. Os dados do clima no período de 2010 a 2013 se encontram anexados.

A quarta etapa foi implantado na área agrícola da Usina Santa Tereza, município de Goiana, Engenho Catu, lote 92 (07°33' S e 35°00' W, altitude 13 m), sobre solo Argissolo Vermelho Amarelo de textura arenosa. Os dados do clima no período de 2010 a 2013 encontram-se expostos no anexo. Na Tabela 1 estão descritos os cruzamentos.

Após secagem, a cariopse foi pesada com auxílio de uma balança de precisão, sendo utilizados três gramas de cada cruzamento. Em seguida foram homogeneizadas e subdivididas em cinco pesagens de 0,6 gramas. O semeio foi realizado separadamente em caixas de polietileno, no tamanho 40x30x15 cm, e contendo composto formado por torta de filtro e cinza, na proporção de 3:1, que foram acondicionadas em casa de vegetação da Estação Experimental de Cana-de-açúcar do Carpina (EECAC/UFRPE). A análise química e física do composto encontra-se na Tabela 2.

Tabela 1. Relação dos cruzamentos biparentais (BP), múltiplos (MP) e de autofecundação (*Self-POP*), Devaneio, PE. 2010

Genitor feminino	Genitor masculino	Tipo de cruzamento
IAC86-3034	RB972631	BP
RB972631	RB931611	BP
RB963193	?	MP
RB992565	?	MP
RB99395	?	MP
SP79-2233	?	MP
RB02978	RB02978	<i>SELF-POP</i>
Laica98-208	?	MP
UFV01886	?	MP
RB963248	?	MP
RB002988	?	MP
RB988079	RB988079	<i>SELF-POP</i>
SP79-1011	?	MP
RB943365	?	MP
UFV02264	?	MP
UFV02588	?	MP
UFV02824	?	MP
UFV02838	?	MP
UFV02851	?	MP
UFV02873	?	MP

Tabela 2. Análise do composto contendo torta de filtro e cinza na proporção 3:1, Carpina, PE. 2010

mg/dm ³											pH
Fe		Cu		Zn		Mn		P			
37,2		1,2		10,6		8,1		150		7,3	
cmol _c / dm ³										%	
K	Na	Al	Ca	Mg	H	S.B	C T C	V	C	m	MO
0,45	0,1	0,0	4,8	1,6	2,9	6,96	9,81	71,44	1,93	0,0	3,32
Granulométrica %											
Areia Total			Areia Grossa			Areia Fina			Silte		Argila
72,80			51,97			20,83			6,30		20,90

Foram avaliadas ao todo 4.350 *seedlings* em vinte progênes diferentes. Vinte dias após o semeio, as caixas foram transferidas para um estaleiro, visando a melhor aclimação das plântulas. Aos 90 dias após o semeio e com base em plantas individuais, foi realizada a seleção visual antecipada (SVA), Figura 1, quando foram escolhidos os melhores indivíduos por caixa com base no vigor, denominados então de *seedlings* qualificados (SQ). Foi estabelecido o número de dez *seedlings* por caixa, observando-se o seguinte critério. Após a retirada dos SQ (melhores plantas), o número restante para completar o total de dez *seedlings* por caixa, foi aleatoriamente retirados dentre aqueles avaliados como *seedlings* não qualificados (SNQ) de menor vigor, totalizando cinquenta plântulas por progênie e 1000 *seedlings* amostrados na população. Essa população qualificada pelo vigor foi levada até o final desta pesquisa, estabelecendo-se assim, a estratégia adotada para avaliação da seleção antecipada. Durante o desenvolvimento das mudas em caixas no estaleiro, não foram necessárias adubações complementares, apenas irrigações diárias.

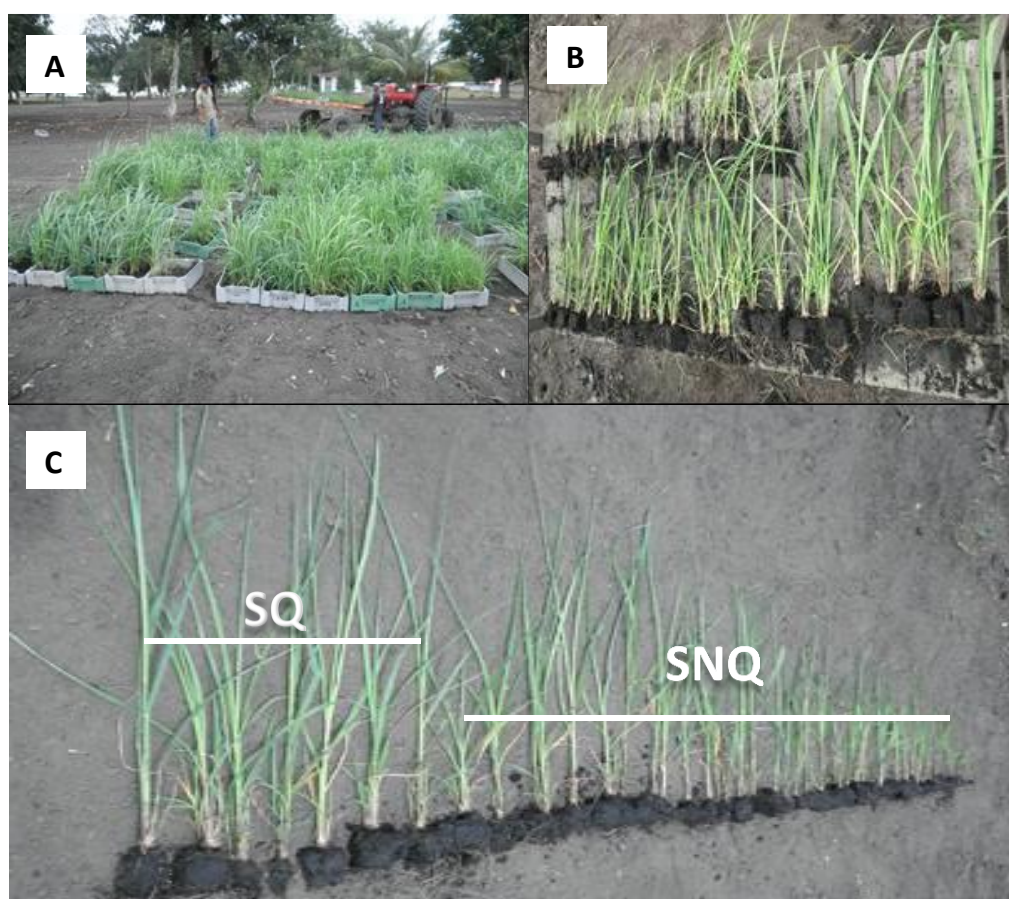


Figura 1. Sistema Simplificado de Seleção, A) População trabalhada, B) Seleção visual antecipada-SVA e C) Qualificação dos *seedlings* aos 90 dias após germinação; SQ - *seedlings* de maior vigor; SNQ – *seedlings* de menor vigor, Carpina, PE. 2011.

Visando a formação de colmos, os *seedlings* de cada grupo SQ e SNQ, foram transplantados individualmente para condições controladas através de garrafas pet (Figura 2), com capacidade para dois litros contendo o mesmo composto, cortadas ao fundo e colocadas em área aberta no solo com tampas e viradas para baixo (Figura 2).

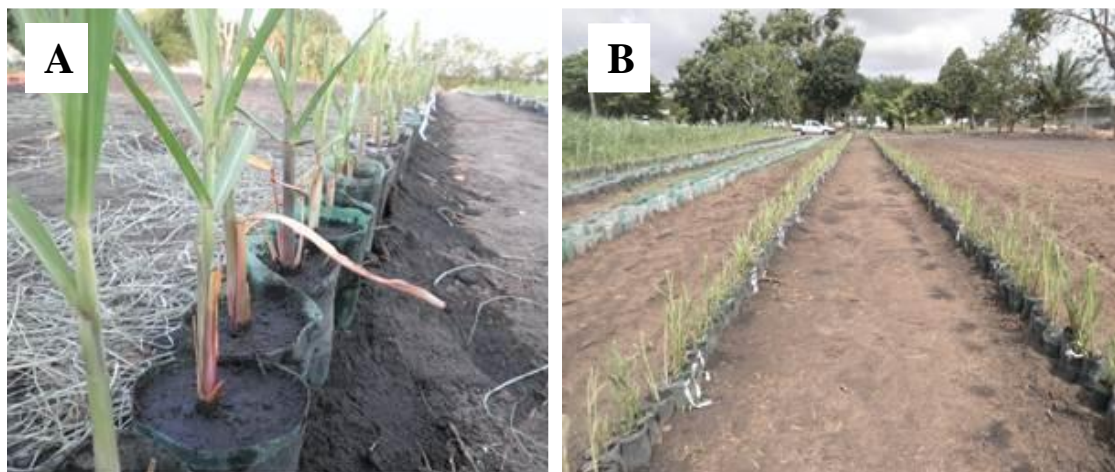


Figura 2. Transplante dos *seedlings* para garrafas pet (A); Desenvolvimento dos *seedlings* em área aberta (B), Carpina, PE. 2011.

As plantas foram colocadas a campo com espaçamento entre linhas de um metro e meio, totalizando 50 indivíduos por progênie e, no início e final de cada linha foi colocado uma planta com a cultivar padrão RB92579. Durante todo o desenvolvimento das plantas não foram necessárias adubações complementares, apenas irrigações diárias foram realizadas.

Aos cento e oitenta dias de cultivo nas garrafas pet, as plantas com seus componentes de produção já formados, e com o objetivo de avaliar as correlações entre os grupos dos SQ e SNQ, foi realizada a segunda seleção fenotípica com base em plantas individuais, fechando o segundo ciclo de seleção, denominada de seleção antecipada de colmos (SAC).

As plantas foram cortadas e amarradas para cada indivíduo (Figura 3). Em seguida foram transportadas para um galpão, sendo coletados dados através de mensurações com base em plantas individuais de todas as plantas por progênie, considerando-se os seguintes componentes de produção: (1) Estatura do colmo principal (EC), medida a partir da base do colmo até o primeiro “dewlap” visível (limbo com a bainha) de acordo com Kuijper (DILLEWIJN, 1952); (2) Diâmetro do colmo principal (DC), tomado por meio de paquímetro no sexto internódio, correspondente a inserção da folha + 6; (3) Sólidos solúveis totais (brix) do colmo principal, tomado por meio de um refratômetro de campo no sexto internódio, correspondente a inserção da folha + 6 (BX); (4) Número de colmos (NC) obtido por meio de contagem de todos os colmos em garrafas pet; (5) Massa verde dos genótipos (MC) obtida

pela pesagem em balança eletrônica (capacidade de 50 kg) de todos os colmos da planta com folhas. Após as mensurações, todos os genótipos foram individualmente cortados em dez rebolos de gema única e ensacados para transporte e plantio em campo, constituindo a primeira fase em campo, denominada T1 colmo.



Figura 3. Plantas com 180 dias de transplante, cortadas para cada indivíduo e plantio do T1 colmo em campo, Goiana, PE. 2011.

No campo o plantio obedeceu ao delineamento de blocos completos casualizados, com cinco repetições, considerando os grupos de qualificação como tratamento (SQ e SNQ). A parcela experimental foi constituída por dez indivíduos em uma linha de 12,5 m de comprimento. Cada genótipo foi plantado com dez rebolos de gema única em um espaço de 1,0 m e 0,25 m entre genótipos. A colheita do campo foi realizada aos 12 meses após o plantio, quando foram coletados os dados através de mensurações de plantas individuais em todos os genótipos classificados como SQ ou SNQ, segundo as características citadas anteriormente.

As médias dos dados obtidos foram submetidas à análise descritiva e de correlação linear simples de Pearson. Aplicou-se o Teste t (STEEL et al., 1997) para avaliação entre os grupos de SQ e SNQ. Contudo para as análises, as médias foram ponderadas de acordo com o número de observações, em virtude de ter ocorrido morte ou mesmo o não desenvolvimento de colmos de alguns *seedlings* da população estudada.

3.3 Resultados e Discussão

A população inicial e os percentuais de *seedlings* qualificados (SQ), não qualificados (SNQ) e de morte (M) na seleção antecipada de *seedlings* (SAS) aos 90 dias após a

germinação, na seleção antecipada de colmos (SAC) aos 180 dias após transplante para garrafas pet e na seleção do T1 colmo (ST1C) aos 12 meses após o plantio, estão descritos na Tabela 3.

Tabela 3. População inicial, percentuais de *seedlings* qualificados (SQ), não qualificados (SNQ) e de morte (M) na seleção antecipada de *seedlings* (SAS), na seleção antecipada de colmos (SAC) e na seleção do T1 colmo (ST1C), Carpina, PE. 2011

Seleção antecipada	Ambiente	Planta	População inicial	SQ		SNQ		Morte total
				Total	M	Total	M	
SAS	Caixa	<i>Seedlings</i>	4350,0	304,0	-	696,0	-	-
		%	100,0	6,7	-	16,0	-	-
SAC	Pet	<i>Seedlings</i>	1000,0	304	9,0	696,0	19,0	28,0
		%	23,0	6,7	3,0	16,0	2,7	2,8
ST1C	Campo	<i>Seedlings</i>	972,0	295,0	15,0	677,0	40,0	55,0
		%	22,3	6,8	5,1	15,6	5,9	5,7

A seleção na etapa inicial, em que os indivíduos são originários de sementes sexuadas, é a que apresenta a menor eficiência, quando comparada com as demais etapas. Na prática, na seleção tradicional, as avaliações individuais normalmente são realizáveis, já que a maioria dos genótipos nas fases iniciais podem ser descartados visualmente pelo seu vigor. Este fato também foi perceptível no SSS, pois a maioria, cerca de 93% das plantas com vigor inferior seriam descartadas antes das etapas de campo.

Os índices de mortalidade foram baixos, sendo de 3% para SAC e 5,9% para ST1C. Apesar, a mortalidade das plantas no ST1C ter sido o dobro da SAC, isso não refletiu negativamente para as tomadas dos dados. Este fato pode ser explicado pelo vigor inferior dos SNQ, a diversidade enfrentada em campo em condições não controladas.

De acordo com os resultados do Teste t (Tabela 4), a seleção em garrafas pet na SAC aos 180 dias após o transplante, mostrou efeito altamente significativo ($p < 0,01$) entre os grupos SQ e SNQ para os caracteres número de colmos (NC), estatura média do colmo principal (EC), brix do colmo principal (BX) e massa verde do genótipo (MC). Entretanto, não foram encontradas diferenças significativas entre SQ e SNQ para o diâmetro médio do colmo principal (DC), indicando que a seleção visual para este caráter não serve como indicador de seleção de indivíduos aos 90 dias na população avaliada.

Tabela 4. Resumo da aplicação do teste t entre os grupos de *seedlings* qualificados (SQ-plantas com maior vigor) e não qualificados (SNQ-plantas de menor vigor) na seleção antecipada de colmos (SAC) e na seleção do T1 colmo (ST1C), com estimativas das médias, desvio padrão (Dp), coeficiente de variação (CV) e número de plantas (NP), para os caracteres número de colmos (NC), estatura do colmo principal (EC) em cm, diâmetro do colmo principal (DC) em mm, brix do colmo principal (BX) em percentual e massa verde do genótipo (MC), em gramas, Carpina, PE. 2011

Característica	Estatística	SAC			ST1C		
		SQ	SNQ		SQ	SNQ	
NC	Média	1,95	1,64	**	8,63	7,64	**
	Dp	0,359	0,277		2,637	1,957	
	CV	18,412	16,882		30,544	25,614	
	NP	280	637		280	637	
EC	Média	143,51	135,70	**	131,12	124,15	**
	Dp	14,667	10,838		20,626	16,164	
	CV	10,220	7,987		15,731	13,019	
	NP	280	637		280	637	
DC	Média	1,66	1,64	ns	1,96	1,93	**
	Dp	0,131	0,125		0,139	0,148	
	CV	7,894	7,603		7,087	7,661	
	NP	280	637		280	637	
BX	Média	14,69	14,44	**	14,33	14,34	ns
	Dp	1,281	0,995		1,227	1,055	
	CV	8,726	6,891		8,559	7,356	
	NP	280	637		280	637	
MC	Média	604,12	463,8	**	3596,90	3159,60	**
	Dp	1,281	0,995		1,227	1,055	
	CV	8,726	6,891		8,559	7,356	
	NP	280	637		280	637	

**, *, significativos a 1 e 5% de probabilidade, respectivamente, pelo teste t. ^{ns} não significativo. (un) = unidade. (cm) = centímetro. (%) = percentual. (g) = gramas.

Para os dados médios obtidos na seleção do T1 colmo (ST1C) em campo de plantas individuais, aos 360 dias após o plantio, o Teste t revelou efeito altamente significativo ($p < 0,01$) para os caracteres número de colmos (NC), estatura média do colmo principal (EC), diâmetro médio do colmo principal (DC) e massa verde do genótipo (MC). Não houve diferenças estatísticas entre os grupos SQ e SNQ para o brix analisado no colmo principal (BX) (Tabela 4).

Na Tabela 4 e Figura 4 estão os dados obtidos e sintetizados pela análise descritiva, contendo a medida de tendência central e a variabilidade, que contribuíram com clareza para interpretação dos dados coletados.

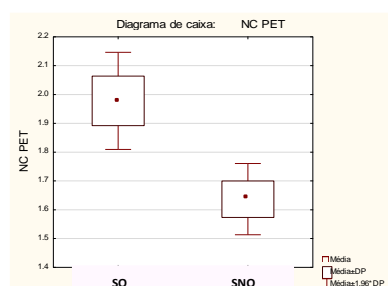
Com relação a posição relativas e o ponto médio, na seleção em pet (SAC) e na seleção em campo (ST1C), todos as caixas das plantas qualificadas (SQ), estão acima das não qualificadas (SNQ) para todas as variáveis (Figura 4). A exceção foi para a variável brix nas plantas SNQ da ST1C (Figura 4), o que demonstra para essa variável na condição de plantas de menor vigor, é fortemente influenciada pela condição em campo.

As maiores médias observadas e a posição relativas superior para as melhores plantas (SQ), é um indicativo que a seleção antecipada de *seedlings* (SAS) aos 90 dias após a germinação foi efetiva para as plantas de maior vigor. Entretanto, a maior dispersão dos dados nas plantas de maior vigor (SQ), sugere a aplicação de uma maior pressão de seleção.

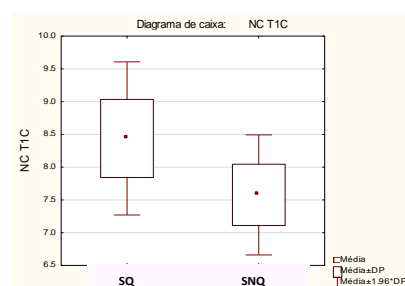
Observa-se na Figura 4, que todas as caixas que representam os dados das plantas não qualificadas (SNQ) na SAC, como na ST1C, para todas as variáveis estudadas, apresentaram uma menor dispersão dos dados, observado pela menor extensão das caixas, assim como as linhas, que refletiu positivamente para uma condição efetiva de descarte de plantas de menor vigor (SNQ). Para estes efeitos prevaletentes de menor vigor que tendem o grupo dos SNQ, sugere não haver seleção para este grupo, ou que podemos denominar de seleção negativa.

Na condição da SAC para todas as variáveis estudadas, exceto o DC e o BX (Figura 4), não ocorreu sobreposição dos dados das plantas SNQ sobre as SQ, representada pela dimensão das caixas, o que representa 50% centrais da distribuição dos valores. Ao mesmo tempo, essa sobreposição ocorreu para todas as variáveis na ST1C, o que condicionou positivamente a seleção a ser mais efetiva para as melhores plantas (SQ) quando aplicada na SAC, especialmente para as variáveis NC, EC e MC.

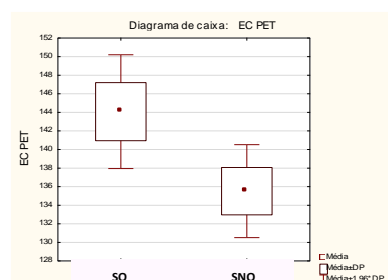
Não foram observados valores atípicos (*outlier*) para todas as variáveis na SAC, bem como para ST1C. A ausência de valores extremos sugere que a seleção visual antecipada foi efetiva para todas as variáveis, tanto para as melhores plantas (SQ) como para as plantas de menor vigor (SNQ).



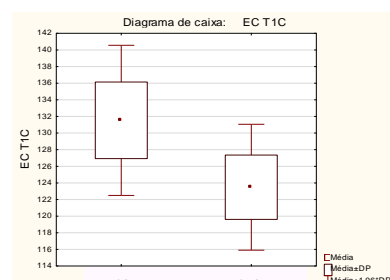
a) Diagrama de caixa NC na pet.



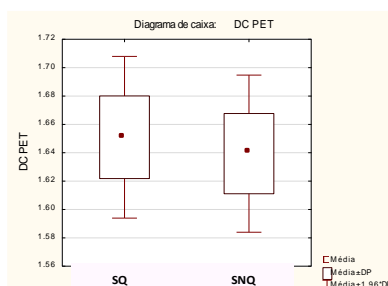
b) Diagrama de caixa NC no T1C.



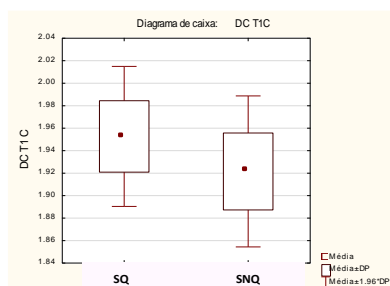
c) Diagrama de caixa EC na pet.



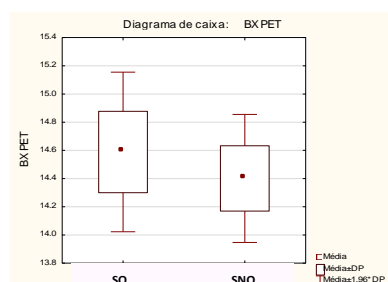
d) Diagrama de caixa EC no T1C.



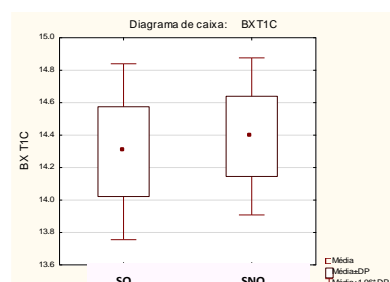
e) Diagrama de caixa DC na pet.



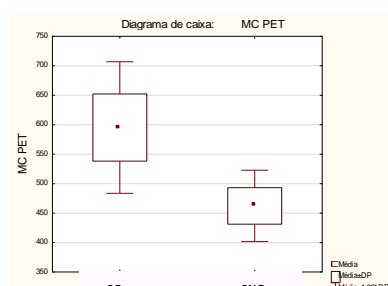
f) Diagrama de caixa DC no T1C.



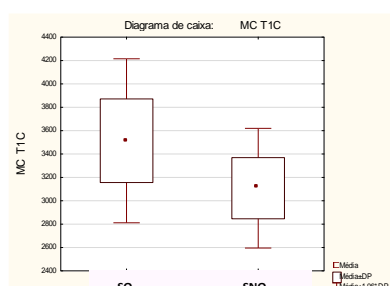
g) Diagrama de caixa BX na pet.



h) Diagrama de caixa BX no T1C.



i) Diagrama de caixa MC na pet.



j) Diagrama de caixa MC no T1C.

Figura 4. Diagrama de caixa entre os grupos de *seedlings* qualificados (SQ- plantas com maior vigor) e não qualificados (SNQ-plantas de menor vigor) na seleção antecipada de colmos (SAC) e na seleção do T1 colmo (ST1C), para os caracteres número de colmos (NC), estatura do colmo principal (EC), diâmetro do colmo principal (DC), brix do colmo principal (BX) e massa verde do genótipo (MC), Carpina, PE. 2011.

Os valores médios do desvio padrão e do coeficiente de variação foram de maior magnitude para as melhores plantas (SQ), tanto na seleção em pet como no campo, a exceção foi para a variável DC na ST1C (Tabela 4). As maiores magnitudes para as medidas de dispersão sugere existir uma maior variabilidade dos dados para as plantas SQ, indicando que a seleção aplicada antecipadamente aos 90 dias após germinação, poderá ser mais efetiva quando aplicada uma maior pressão de seleção. Por outro lado, a maior variabilidade encontrada nos dados das melhores plantas, é o indicativo para aplicação de um segundo ciclo de seleção, o que é desejável em uma população já pré-selecionada, em menor número, consequentemente em uma menor área.

Além disso, as maiores magnitudes das medidas de dispersão Dp e CV observadas para todas as variáveis na seleção realizada a campo (ST1C), a exceção para variável BX, evidenciando um comportamento diferenciado dos clones, sugere que a seleção praticada na condição controlada em pet é mais efetiva para todas as variáveis trabalhadas.

O coeficiente de variação variou de baixo a alto, com predominância para alto nas condições de campo (ST1C) para todas as variáveis, a exceção foi para a variável DC. Quanto menor é o coeficiente de variação de uma característica, maior será a precisão experimental. O elevado coeficiente de variação pode ser interpretado com baixa precisão experimental, o que afeta as inferências que podem ser feitas para as características observadas (BARBOSA et al., 2005).

Assim sendo, os resultados obtidos podem proporcionar evidências que as diferenças entre os grupos das plantas de maior vigor (SQ) e das de menor vigor (SNQ), visualizadas a partir da seleção aos 90 dias após germinação em caixa, e aos 180 dias em garrafas pet, são transferidas para a condição de campo na ST1C, considerando nessa população.

Para Bressiani (2001), a avaliação massal simples na etapa inicial de *seedlings* deveria ser considerada como um método de *screening* com o objetivo de eliminar apenas os indivíduos realmente desfavoráveis, caracterizando o que se pode chamar de seleção negativa ou truncada. Desta forma, espera-se que a seleção antecipada de *seedlings* para os caracteres de importância, incluindo aqueles de baixa herdabilidade, seja eficiente em termos de plantas individuais e em ambientes controlados, especialmente para o grupo das plantas de maior vigor (SQ) e dentre aqueles que transferiram e permaneceram com características superiores durante a fase juvenil e até o final do ciclo de seleção, portanto aos 360 dias em campo.

Deste modo, os resultados obtidos na Tabela 5 revelam correlações simples positivas e expressando significância pelo teste t do grupo dos *seedlings* com maior vigor (SQ) na

seleção massal aos 180 dias (SAC), com a seleção aos 360 dias (ST1C) para as variáveis NC, EC, DC e MC.

Tabela 5. Estimativas de correlações simples entre os grupos de *seedlings* qualificados (SQ) de maior vigor e não qualificados (SNQ) de menor vigor na seleção aos 180 dias após transplante para “pet” e aos 360 dias após plantio em campo, para as variáveis números de colmos (NC), estatura média do colmo principal (EC), diâmetro do colmo principal (DC) e de massa verde do genótipo (MC), Carpina, PE. 2011

CORRELAÇÕES*	SELEÇÃO AOS 360 DIAS EM CAMPO - ST1C									
	NC		EC		DC		BX		MC	
	SQ	SNQ	SQ	SNQ	SQ	SNQ	SQ	SNQ	SQ	SNQ
SELEÇÃO AOS 180 DIAS EM PET-SAC										
NC (un)	0,27									
EC (cm)			0,70	0,58						
DC (cm)					0,77	0,77				
BX (%)							0,29			
MC (g)									0,53	0,33

* Apenas as correlações significativas estão apresentadas ($p < 0,05$), respectivamente pelo teste t. (un) = unidade. (cm) = centímetro. (%) = percentual. (g) = gramas.

Para o grupo dos *seedlings* de maior vigor (SQ), foi observado alta correlação fenotípica para EC (0,70) e DC (0,77), moderada para MC (0,53) e baixa para NC (0,27). A presença de significância até mesmo para valores baixos de correlação evidenciados neste trabalho está, associado aos elevados graus de liberdade incluídos no teste t, além das diferenças peculiares entre os dois experimentos conduzidos na pet (SAC) e no campo (ST1C).

Deste modo, para o grupo do SQ, todas as correlações fenotípicas dos caracteres foram significativas, embora com alguns valores consideravelmente baixos (Tabela 6), a exceção do BX que foi não significativa. Deste modo, as reduzidas magnitudes dos coeficientes de correlação obtidos entre as duas fases de seleção, na pet (SAC) e no T1 clonal (ST1C) para o NC, reafirmam a impossibilidade de se selecionar com alta intensidade para essa variável na SAC (pet).

Outros estudos na literatura com diferentes enfoques, relatam a importância dos componentes de produção número de colmos, estatura e diâmetro estarem correlacionados positivamente com a produtividade. Entre eles, Barbosa et al. (2002), indicando que genótipos com maior estatura de colmos apresentam tendência de maior produção de massa por colmo.

Dutra Filho et al. (2011), trabalhando com a seleção de progênies e correlação de componentes de produção em cana-de-açúcar, relatam que as progênies com maior número de colmos nas fases clonais, teve indivíduos com maior produtividade de cana por hectare.

Pedrozo (2006), relata que dentre os caracteres avaliados tanto na fase T1 quanto na T2, a estatura do colmo e o diâmetro foram os que apresentaram as estimativas mais consideráveis de correlações genéticas, entre as duas fases (0,50 e 0,43, respectivamente).

Cuenya et al. (1999), trabalhando com um modelo modificado de seleção, em que foi eliminada uma das fases intermediárias de seleção clonal, aumentando-se consequentemente, o tamanho das parcelas avaliadas, relataram que o diâmetro, massa média de colmo e estatura do colmo, foram os caracteres que resultaram em seleção precoce mais eficiente.

Contudo, ao considerar as correlações fenotípicas da mesma população do grupo dos *seedlings* de maior vigor (SQ) entre a SAC (pet) e a ST1C (campo), podem proporcionar ao melhorista a oportunidade de eliminar grande parte dos indivíduos potencialmente desfavoráveis antes das etapas de campo e, ademais, obter ganhos significativos para uma seleção baseada no fenótipo da planta nas primeiras etapas do melhoramento em cana-de-açúcar.

Logo, a seleção dos clones selecionados aos 90 dias, com o desenvolvimento dos *seedlings* em condições controladas (pet), seguida de outra seleção aos 180, poderá permitir já o plantio comercial de colmos (T1 Colmo) e não mais de *seedlings*, iniciando assim a fase de campo usando-se clones em multiplicação dirigida, proporcionando possivelmente a antecipação das etapas de clonagem dos genótipos superiores em áreas relativamente menores, além da obtenção de possíveis ganhos expressivos na seleção fenotípica e na redução significativa do tempo necessário para liberação de novas cultivares comerciais de cana-de-açúcar.

3.4 Conclusão

- O Sistema permitiu a seleção e o descarte de genótipos já antes das etapas de avaliação em campo.
- Houve concordância da seleção fenotípica realizada em plantas individuais dos grupos de *seedlings* qualificados (SQ) pelas plantas de maior vigor e *seedlings* não qualificados (SNQ) com menor vigor.

REFERÊNCIAS

- BARBOSA, M.H.P.; BASTOS, I.T.; SILVEIRA L.C.I.; OLIVEIRA, M.W. Análise de causa e efeito para a produção de colmos e seus componentes na seleção de famílias de cana-de-açúcar. In: Congresso Nacional da STAB, 8., 2002, Recife. Anais. Recife: STAB, 2002. v. único, p.366-370.
- BARBOSA, M. H. P.; RESENDE, M. D. V.; BRESSIANI, J. A.; SILVEIRA, L. C. I.; PETERNELLI, L. A. Selection of sugarcane families and parents by Reml/Blup. Crop Breeding and Applied Biotechnology, v. 5, n. 4, p. 443-450, 2005.
- BRESSIANI, J.A. Seleção sequencial em cana-de-açúcar. 2001. 134p. Tese (Doutorado) - Universidade de São Paulo, Piracicaba.
- CUENYA, M.I.; ERAZZÚ, L.E.; GARCIA, M.B.; CHAVANNE, E.R. ROMERO, C.D.; MARIOTTI, J.A. Eficiencia de la seleccion en los modelos tradicional y modificado del programa de mejoramiento genetico de la caña de azucar de Tucuman (EEAOC – INTA). **Etapas I y II de selección. Revista Industrial Agrícola de Tucumán.** v.76. n.1. p.10-14. 1999.
- DAL-BIANCO M.; CARNEIRO M. S.; HOTTA C T.; CHAPOLA R. G.; HOFFMAN H. P.; GARCIA A. A.; SOUZA G. M. Sugarcane improvement: how far can we go? Curr Opin Biotechnol. 2011, Oct 7, 2011.
- DILLEWIJN, C. Botany of sugarcane. Walthen: Chronica Botanica, p.136-141. 359 p, 1952.
- DUTRA FILHO, J. A., MELO, L. J. O. T., SIMÕES NETO, D.E., ANUNCIACÃO FILHO, C.J., BASTOS, G. Q., DAROS, E. Seleção de progênes e correlação de componentes de produção em cana-de-açúcar. Agrária (Recife. Online), v. 6, p. 432-439, 2011.
- FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F.C. Introduction to quantitative genetics. 4.ed. Edinburgh: Longman Group Limited, 1996. 464p.
- GOUY, M. et. al. Experimental assessment of the accuracy of genomic selection in sugarcane Theoretical and Applied Genetics. 126, 10: p. 2575-2586, 2013.
- LUSH, J.L. Family merit and individual merit as basis for selection. American Naturalist, v. 80, p. 318-342, 1947.

MCRAE, T.A.; ERQUIAGA, D.L.; JENSEN, L.F. RATTEY, A.R.; STRINGER, J.K. BSES sugarcane breeding program in the Burdekin. In: Australian Society of Sugar Cane Technologists Conference, 20., Ballina, 1998. Proceedings. Brisbane: Watson Ferguson, 1998. p. 196-203.

OLIVEIRA, R. A.; DAROS, E.; RESENDE, M. D. V.; BESPALHOK-FILHO, J. C.; ZAMBON, J. L. C.; DE SOUZA, T. R.; FERNANDEZ LUCIUS, A. S. Procedimento Blupis e seleção massal em cana-de-açúcar. *Bragantia*, Campinas, v. 70, n. 4, p. 1-5, 2011.

PEDROZO, C. A. **Eficiência da seleção em fases iniciais do melhoramento da cana-de-açúcar**. Viçosa-minas gerais: 2006. 102p. Dissertação (mestrado em genética e melhoramento), Universidade Federal de Viçosa.

PEDROZO, C. A.; BARBOSA, M. H. P.; SILVA, F. L.; RESENDE, M. D. V.; PETERNELLI, L. A. Repeatability of full-sib sugarcane families across harvests and the efficiency of early selection. *Euphytica*, v. 182, n. 3, p. 423-430, 2011.

STEEL, R.G.D., TORRIE, J.H., DICKY, D.A. Principles and procedures of statistics: a biometrical approach. 3ed. McGraw-Hill Companies. 1997. 666p.

SKINNER, J.C.; HOGARTH, D.M.; WU, K.K. Selection methods, criteria, and indices. In: HEINZ, D.J. (ed.). Sugarcane improvement through breeding. Amsterdam: Elsevier. 1987, p. 409-453.

VANJA, C.; ANDREW, J. H.; PHILLIP, A. J.; LEONE M. B.; DANNY, C. An Operations Research Approach to the Problem of the Sugarcane Selection. *Annals of Operations Research*. v.108, n. 1-4, p.123-142, DOI: 10.1023/A: 1016054911470, 2004.

4 **CAPÍTULO II- SISTEMA SIMPLIFICADO DE SELEÇÃO EM CANA-DE-AÇÚCAR UMA ABORDAGEM GENÉTICA**

RESUMO

Com o objetivo de propor e validar um novo sistema de seleção para as fases iniciais do melhoramento clássico da cana-de-açúcar, uma população formada por 21 progênies, foi submetida a fase do T1 tradicional e confrontada com o Sistema Simplificado de Seleção (SSS). A pesquisa foi realizada no município de Paranavaí-PR, durante o ano agrícola 2011/2013, em quatro etapas consecutivas com a mesma população amostrada: a) cruzamentos genéticos; b) Semeio da cariopse (semente verdadeira) em caixas; c) seleção antecipada de *seedlings* aos 103 dias após o semeio e transplante para garrafas pet; d) seleção nas garrafas pet, clonagem e plantio em campo. A seleção fenotípica foi realizada em *seedlings* individuais com base no vigor das plantas, com a formação de três grupos, plantas com maior vigor, plantas com vigor intermediário e as plantas com menor vigor. As populações foram transplantadas para garrafas pet para formação de colmos. Aos 236 na pet, foi realizado o corte dos colmos em rebolos de gema única para formação de mudas e clonagem. As mudas após a aclimação foram transplantadas a campo dando início a fase experimental com repetição de indivíduos denominada T1 Clonal. A fase do T1 Tradicional, os *seedlings* foram transplantados individualmente a campo aos cento e trinta e oito dias após a germinação das cariopses. As populações foram mensuradas, após as análises genética-estatísticas, e obtidas a estimação dos valores genéticos preditos foram confrontados através de correlações simples, concordância, índice de coincidência e avanços genéticos esperados. Através das análises foi possível identificar as melhores progênies, permitindo a seleção e o descarte de genótipos já antes das etapas de avaliação em campo. A seleção antecipada de população dentro das progênies foi eficiente para identificar as melhores plantas, com avanços genéticos esperados estimados em cerca de duas vezes superiores a população intermediária. A eficiência de seleção estimada pela relação da acurácia e o tempo, foi 25% superior para seleção em pet e de 50% superior para o T1 clonal quando comparado com o T1 tradicional.

Palavras-chaves: *Saccharum* spp., melhoramento, acurácia, ganhos genéticos.

APPROACH GENETIC ON SYSTEM SIMPLIFIED SELECTION IN CANE SUGAR

ABSTRACT

With the objective of develop and validate a new selection system for the early stages of classical breeding of cane sugar, a population comprised of 21 progeny was subjected to phase traditional T1 and confronted with the Simplified Selection System (SSS). The research was conducted in the city from Paraná-PR during the agricultural year 2011/2013 in four consecutive stages with the same population sampled: a) genetic crosses; b) Seeding caryopsis (true seed) boxes; c) early selection of seedlings at 103 days after sowing and transplantation for PET bottles; d) Selection in pet bottles, cloning and planting in the field. Phenotypic selection was made based on individual seedlings vigor of plants, with the formation of three groups, with greater vigor plants, plants with intermediate vigor and plants with less vigor. The populations were transplanted to plastic bottles to form stems. 236 to the pet, cutting the stalks into billets single gem for seedling and cloning was performed. The seedlings were transplanted after adaptation to field giving the pilot begin with repeating Clonal individuals named T1. The phase of the Traditional T1 seedlings were transplanted individually into the field to one hundred thirty-eight days after germination of the caryopses. Populations were measured after the genetic-analysis statistics, and obtained the estimation of breeding values were compared by simple correlation, concordance, index of coincidence and expected genetic advances. Through the analysis it was possible to identify the best progenies, allowing selection and discarding genotypes already before the steps of field evaluation. Early selection of population within the progenies was efficient to identify the best plants, with genetic advances expected estimated at about two times higher than the intermediate population. The selection efficiency estimated by the ratio of the time and accuracy was 25% higher for selection in pet and 50% higher for T1 clonal compared to traditional T1.

Key words: *Saccharum* spp., breeding, accuracy, genetic improvement.

4.1 Introdução

Historicamente, a cana-de-açúcar é a lavoura mais antiga do Brasil e sempre foi um dos principais produtos agrícolas. Apresenta saldo positivo nos aspectos ambiental, cambial, econômico e energético, indicando ser cada vez mais sustentável. O País tem a primeira posição em área no ranking mundial da cultura (FAOSTAT, 2013).

Além disso, a crescente necessidade de ampliar de modo sustentável o uso de fontes renováveis de energia para proporcionar maior segurança ao suprimento energético e reduzir os impactos ambientais associados aos combustíveis fósseis, fez com que a cana-de-açúcar fosse apontada como uma fonte de energia limpa para a cogeração de eletricidade e etanol celulósico a partir do bagaço (HOFSETZ; SILVA, 2012).

A posição privilegiada do Brasil no ranking de produção de cana-de-açúcar em nível mundial é decorrente da adoção de práticas agrícolas avançadas aliadas a eficientes programas de melhoramento genético da referida cultura, tendo como consequência, o surgimento de novos genótipos com maior teor de sacarose, altamente produtivos, alocados em diferentes ambientes de produção, gerando mais sustentabilidade.

Na metodologia empregada nos programas de melhoramento genético da cana-de-açúcar no Brasil e no mundo, existe um ponto em comum, as cultivares liberadas para cultivo comercial, foram desenvolvidas por programas clássicos, onde melhoristas usam métodos convencionais de coleta, recombinação e seleção, e até o momento, não existem informações de cultivares com áreas significativas plantadas comercialmente que não tenha sido desenvolvida por estes métodos convencionais.

A seleção de genótipos superiores é o aspecto mais importante e crítico dos programas de melhoramento clássico da cana-de-açúcar, caracterizado por um processo longo e dispendioso, e tem sido baseada em nível de indivíduos nos métodos da seleção massal (MARIOTTI et al., 1999) ou entre famílias seguida por seleção massal (McRAE et al., 1998; COX et al., 2000; KIMBERG; COX, 2003). Este último, utiliza a informação de família para seleção e, portanto, são superiores em relação à seleção massal para os caracteres que apresentam herdabilidade baseada nas médias de famílias maior do que a herdabilidade ao nível de plantas individuais.

Esta prática constitui uma série de fases aplicadas a diferentes parâmetros, sendo praticada em caracteres indiretos de produção, correlacionados com o caráter principal tonelada de cana por hectare (TCH) que apresenta baixa herdabilidade, exercida no primeiro

cultivo em áreas relativamente grandes com milhares de *seedlings*, sem repetições, o que conduz uma baixa precisão experimental, que após o processo seletivo alguns genótipos são selecionados para posterior fase, apresentando grande percentual de descarte, transformando a seleção em nível de campo em uma tarefa laboriosa.

Considerando todos estes aspectos e tomando como base a etapa inicial do melhoramento clássico da cana-de-açúcar, existe um ponto chave que é de carácter genético, que se consolida após a germinação das cariopses com a formação da planta, dessa maneira o melhorista tem uma dependência genética intrínseca à planta, cabendo apenas aos programas de melhoramento, através dos processos seletivos, confrontar essas plantas as atuais cultivares comerciais, tanto nos aspectos agroindustriais como fitossanitários e, quando superiores, cloná-las, e, em fases seguintes de experimentação, até a obtenção dos resultados suficientes para sua liberação aos produtores.

Diferentes estudos independentes foram realizados nos elementos que compõem todo processo de seleção, como a Seleção Combinada Através de Índices (LUSH, 1947), a Seleção Sequencial Australiana (McRAE et al, 1998; COX et al., 2000), e a Seleção Sequencial Modificada (BRESSIANI, 2001). Entretanto, não tem existido uma abordagem sistemática de como melhorar o processo, usando as mesmas ferramentas da genética clássica que permitisse a melhoria do processo de seleção em sua base, nas fases iniciais.

As tentativas de desenvolvimento de novas cultivares de cana-de-açúcar com altos rendimentos e resistência a doenças estão sendo realizadas por métodos convencionais de melhoramento há 127 anos, desde o primeiro cruzamento genético da cana-de-açúcar dirigido pelo melhorista Friedrich Soltweld, na Proefstation Oost Java, Indonésia, em 1887 (BARNES, 1974; CESNIK; MIOCQUE, 2004). A partir de então, os programas convencionais de melhoramento estão sendo executados com sucesso (SCORTECCI et al., 2012) em diferentes institutos de pesquisa de cana-de-açúcar para desenvolver novas cultivares híbridas com alto potencial produtivo, altos teores de açúcar, melhoria na capacidade de rebrota e resistência às doenças.

Mesmo assim, o melhoramento convencional requer um longo período de 12 a 15 anos, com atividades dispendiosas para desenvolver e lançar uma nova cultivar de cana-de-açúcar (BARBOSA et al., 2005).

Novos esforços têm sido empregados em uma dimensão fora do melhoramento tradicional, em uma perspectiva atualmente complementar, com novas ferramentas na biotecnologia via biologia de sistemas como marcadores moleculares, genoma funcional, além dos procedimentos analíticos das técnicas estatísticas dos modelos mistos de predição

genética, na tentativa de desenvolver novas cultivares com maior rendimento agroindustriais em um menor espaço de tempo.

Contudo, a complexidade genética da cana-de-açúcar (CARDOSO-SILVA et al. 2014) e ação gênica (BASTOS et al., 2003) aditiva e não-aditiva do caráter principal (TCH), aliada com interação complexa com ambiente de milhares de *seedlings* especialmente nas fases iniciais (SKINNER et al., 1987) fez com que essas novas metodologias ficassem subordinadas ao aumento dos trabalhos de campo, o que as condicionaram apenas aos trabalhos relacionadas com atividades de pesquisa, e não rotineiramente aplicadas nos programas tradicionais. Assim, novas ferramentas apresentam até o momento pouco impacto no desenvolvimento de novas cultivares de cana-de-açúcar, viabilizando apenas mais informações complementares sobre as populações.

Com base nessas considerações, a seleção em populações segregantes de cana-de-açúcar, a qual ocorre em nível de indivíduo que pode ser clonado, é uma etapa do programa passível de ser melhorada por uma análise crítica dos atuais procedimentos utilizados neste processo. Portanto, uma nova abordagem tem que ser dada no melhoramento clássico da cana-de-açúcar, na sua base nas fases iniciais no ponto mais crítico, na seleção, que considere o tamanho da população base, o espaço, a mão de obra e tempo necessários para avaliar plantas individuais, através dos componentes produtivos, e consistente o suficiente para avaliar progênies em estágios iniciais de seleção antes das etapas de campo, e ainda que permita a aplicação efetiva de análise genética estatística.

Diante do exposto, este estudo teve como objetivo, propor e validar um novo sistema de seleção nas fases iniciais do programa de melhoramento genético da cana-de-açúcar i) introduzir um novo modelo de seleção antecipada antes das etapas de campo; ii) identificar progênies ou clones superiores, em uma população inicial de *seedlings*; iii) comparar a seleção de progênies e de indivíduos de cana-de-açúcar no Sistema Simplificado de Seleção com o sistema tradicional; iv) avaliar os avanços genéticos esperados pela seleção fenotípica antecipada sobre a eficiência da seleção de populações dentro de progênies.

4.2 Material e Métodos

4.2.1 Locais da Pesquisa

O estudo foi conduzido nos anos agrícolas de 2010/2011/2012/2013 na Estação Experimental de Paranavaí, do Setor de Ciências Agrárias (SCA), da Universidade Federal do Paraná – UFPR, localizada no Município de Paranavaí, PR, região Noroeste do Estado, entre as coordenadas 22° 55′ de latitude Sul e 52° 27′ de longitude Oeste, com altitude média de 470 m.

O local apresenta, conforme classificação de Köppen, clima tipo Cfa, subtropical, com temperatura média no mês mais frio de 18° C (mesotérmico) e temperatura média no mês mais quente de 22°C, com verões quentes, geadas pouco frequentes e tendência de concentração das chuvas nos meses de verão, contudo sem estação seca definida, precipitação média anual de 1.501 mm (IAPAR, 2014). Os dados do clima no período de 1975 a 2013 encontram-se expostos na Tabela 3 do anexo.

O solo é classificado como Latossolo Vermelho Distrófico, com relevo suave, coloração vermelha escura, poroso, muito friável, fortemente drenado, baixa fertilidade natural, ácido, baixo a médio teor de alumínio trocável e saturação de bases baixa (EMBRAPA, 1999; PRADO, 2003). Em campo foi realizada calagem conforme análise de solo (Tabela 4) no anexo, com adubação de base no sulco de plantio na formula 10-20-20 (N, P, K) com 800 kg ha⁻¹ e na soca 20-20 (N, K) com 600 kg ha⁻¹.

4.2.2 Etapas de Trabalho e Experimentos

Para atender os objetivos da pesquisa foram montadas quatro etapas de trabalho com os mesmos cruzamentos, sendo três com a mesma. A quarta etapa foi conduzido em um experimento em campo com os mesmos cruzamentos no sistema tradicional. Das três etapas com a mesma população, a primeira foi conduzida em caixas de polietileno com dimensões de 40x30x10 cm, aplicou-se a primeira seleção, denominada seleção antecipada de *seedlings* (SAS) aos 103 dias após germinação das cariopses. A segunda etapa, foi realizada por um

experimento conduzido em condições homogêneas (garrafas pet de 2 litros) em área aberta, constituída pelos *seedlings* selecionados na primeira seleção SAS, onde foi aplicada a segunda seleção, denominada de seleção antecipada de colmos (SAC) aos 133 dias após o transplante para as garrafas pet. Neste mesmo experimento, com o desenvolvimento dos colmos, foi possível realizar a clonagem antecipada com a formação de mudas pré-brotadas (MPB) no final da seleção. O terceiro experimento foi conduzido em campo denominado T1 clonal (T1C). Foi formado pelas MPB do segundo experimento dos genótipos selecionados e clonados antecipadamente, o que proporcionou a repetição dos clones na primeira fase de seleção em campo. Esta metodologia foi planejada para atuar como um sistema de triagem com dois ciclos sucessivos de seleção e clonagem antes das etapas de campo na população inicial, possibilitando trabalhar com um maior número de *seedlings* em áreas menores, sendo assim, denominado de Sistema Simplificado de Seleção – SSS.

4.2.3 Métodos de Melhoramento, População Base e Cruzamentos

Os cruzamentos foram realizados nas duas estações de floração e cruzamento pertencentes a Ridesa. A primeira, a Estação de Floração e Cruzamentos de Cana-de-açúcar de Devaneio (EFCCD) /RIDESA, município de Amaraji-PE ($8^{\circ} 19,8' S$; $35^{\circ} 24,8' W$ e 514 m de altitude), e a segunda na Estação de Floração e Cruzamento de Serra do Ouro (EFCSO) /RIDESA, município de Murici-AL ($9^{\circ} 13' S$, $35^{\circ} 50' W$ e 515 m de altitude).

A população utilizada foi planejada para apresentar uma base genética diversificada para esta pesquisa. Assim, inicialmente 106 progênies foram utilizadas para uma triagem, sendo posteriormente selecionadas para participarem da pesquisa após o conhecimento do índice de germinação. As progênies foram obtidas por meio da seleção recorrente intrapopulacional (SRI), seleção recorrente recíproca (SRR), seleção recorrente recíproca individual (SRRI) e de autofecundação (S1) (RESENDE; BARBOSA, 2005), em dois tipos de cruzamentos, biparentais (irmãos completos), e polinização livre (meio irmãos). As progênies foram obtidas em função da disponibilidade da floração e sincronismos dos parentais na campanha de floração e cruzamento de 2010.

4.2.4 Semeio para Formação da População do Sistema SSS e do Tradicional

As sementes correspondentes a cada cruzamento foram homogeneizadas, em seguida foram pesadas e retiradas duas amostras iguais de 3g com auxílio de uma balança de precisão. A primeira porção 3g foi direcionada para o método tradicional usado pelo Programa de Melhoramento Genético da UFPR, cuja metodologia encontra-se descrita no item 4.2.8 e a segunda porção foi direcionada para o SSS.

Para o SSS, as 3g correspondentes a cada cruzamento foram novamente homogeneizadas, e, com auxílio de uma balança de precisão, foram subdivididas em cinco pesagens de 0,6 gramas. No dia seguinte, as sementes foram semeadas separadamente em caixas de polietileno com as dimensões de 40x30x10 cm, contendo composto formado por torta de filtro e substrato (MECPLANT), na proporção de 1:1, e colocadas em estufa para germinação. Na estufa a temperatura média variou de 28 a 32°C durante a noite, e ao dia 35 a 40°C. A umidade média foi de 80%. A análise química e física do composto encontra-se na Tabela 1.

Tabela 1. Análise do composto, formado por torta de filtro e substrato (MECPLANT), Paranavaí, PR. 2013

Nº LAB	Identificação	pH	pH	Al ⁺³	H ⁺ Al ⁺³	Ca ⁺²	Mg ⁺²	K ⁺	SB	T	P	S	C	V	m	Ca/Mg	Argila
	Amostra	CaCl ₂	SMP				cmol _c dm ⁻³				mg/dm ³		g/dm ³	%	%		g/Kg
59262	Substrato	5,90	7,10	0,00	2,20	9,20	4,40	1,01	14,61	16,81	700,20	-	154,8	87	0	2,1	100,0

Vinte dias após a germinação, as caixas foram retiradas da estufa e colocadas em estaleiro para aclimação com telado (50%), permanecendo até o momento do transplântio. No estaleiro, após trinta dias, foram definidos os cruzamentos para participação do estudo conforme a germinação e aclimação dos *seedlings*, sendo estabelecido o critério mínimo 50 e no máximo 200 *seedlings* por caixa. Assim, foi estabelecida a população inicial para participar do SSS e do sistema tradicional de seleção. Em seguida as caixas foram separadas no estaleiro por progênie, permanecendo até completarem 103 dias após a germinação das cariopses. Durante o desenvolvimento das plantas em caixas, não foram necessárias adubações complementares, apenas todos os dias ocorreram irrigação por aspersão controlada por um sistema automático, regulado para 10 minutos com intervalos de seis horas.

A população inicial no final ficou constituída por 3 cruzamentos biparentais (BP) e 13 múltiplos (MP) para SRI, apenas 2 MP para SRR, 2 BP para SRRI e apenas 1 para S1 (*self*),

totalizando 21 progênies. Um total de 8.820 *seedlings* constitui-o a população que foi submetida à biometria. Os cruzamentos com seus respectivos genitores feminino e masculino estão descritos na Tabela 2.

Tabela 2. Cruzamentos, genitores feminino e masculino, metodologias de seleção, tipo de cruzamento e código da progênie utilizada para formação da população inicial da pesquisa, Paranavaí, PR. 2013

Código Progênies	Genitor feminino	x	Genitor masculino	Metodologia	Tipo cruzamento
1	UFV02264	x	?	SRI	MP
2	RB943365 (3-19-7)*	x	?	SRR	MP
3	RB988079	x	RB988079	S1	BP
4	SP79-1011	x	?	SRI	MP
5	RB943365 (3-7-2)*	x	RB943365 (3-6-8)*	SRRI	BP
6	UFV02838	x	?	SRI	MP
7	RB943365 (5-3-2)*	x	?	SRR	MP
8	UFV02824	x	?	SRI	MP
9	IAC86-3034	x	RB972631	SRI	BP
10	RB943365 (5-3-2)*	x	RB943365 (5-3-2)*	SRRI	BP
11	UFV02851	x	?	SRI	MP
12	RB987933	x	RB813804	SRI	BP
13	RB83102	x	?	SRI	MP
14	UFV02588	x	?	SRI	MP
15	RB813804	x	SP83-2847	SRI	BP
16	RB961566	x	?	SRI	MP
17	RB99395	x	?	SRI	MP
18	UFV02588	x	?	SRI	MP
19	UFV02186	x	?	SRI	MP
20	UFV02873	x	?	SRI	MP
21	RB813804	x	?	SRI	MP

*Identificação do S1 no Banco de Germoplasma (BAG), Seleção Recorrente Intrapopulacional SRI, Seleção Recorrente Recíproca SRR, Seleção Recorrente Recíproca Individual SRRI, Cruzamentos Múltiplos MP, Cruzamentos Biparentais BP.

4.2.5 Seleções Visual Antecipada de *Seedlings* - SAS.

Aos cento e três dias após a germinação das cariopses, foi realizada a primeira seleção fenotípica com base em plantas individuais, denominada de seleção antecipada de *seedlings* (SAS). As caixas foram retiradas do estaleiro e transportadas para um galpão para manuseio das plantas. Os *seedlings* de cada caixa foram contados e separados individualmente sobre

uma mesa de acordo com seu desenvolvimento vegetativo (vigor) (Figura 1). Nesse primeiro ciclo de seleção, para efeito de categorização foi considerado o número de quinze *seedlings* por caixa em três diferentes grupos. O primeiro grupo constituído pelas cinco plantas de maior vigor (melhores plantas), denominadas como *seedlings* qualificados (SQ), o segundo grupo por cinco plantas com vigor intermediário, denominados de *seedlings* intermediários (SI) e o terceiro grupo formado pelas plantas que apresentaram o menor vigor, sendo assim denominados de *seedlings* não qualificados (SNQ) (Figura 1), totalizando setenta e cinco *seedlings* por progênie. Todas as plantas independentes de sua qualificação foram levadas até o final da pesquisa.

Essa estratégia de qualificar os *seedlings* pelo vigor em três grupos teve como objetivo de proporcionar uma avaliação da seleção fenotípica aplicada em plantas no estágio juvenil, antes das etapas de campo. Assim, disponibilizando dados pela biometria para serem avaliados pela predição genética via RELM/BLUP (RESENDE, 2000), correlações Pearson (STEEL et al., 1997), concordância entre os ciclos seletivos e eficiência (HAMBLIN; ZIMMERMANN, 1986).

Todas aquelas plantadas a partir deste ciclo de seleção foram identificadas, recebendo uma numeração única individual que serviu para a tomada dos dados via mensurações nos três ciclos seletivos até o final da avaliação. Na ocasião da formação dos grupos, também foi observada a ocorrência das principais doenças da região.



Figura 1. Qualificação dos grupos de plantas pelo vigor: A) Desenvolvimento dos *seedlings* 103 dias após germinação, B) Individualização dos *seedlings*, C) Seleção antecipada de *seedlings* com a qualificação dos grupos de plantas pelo vigor: *seedlings* qualificados (SQ) plantas com maior vigor, *seedlings* intermediários (SI) plantas com vigor intermediário e *seedlings* não qualificados (SNQ) plantas com o menor vigor, Paranavaí, PR. 2013.

Para formação de colmos, os *seedlings* de cada grupo, foram transplantados individualmente para garrafas pet (Figura 2) com capacidade para dois litros contendo o mesmo composto, cortadas ao fundo e colocadas em área aberta no solo com tampas e viradas para baixo. Essa estratégia possibilitará o desenvolvimento de colmo e a clonagem das plantas antecipadamente. O delineamento experimental foi de blocos completos casualizados com cinco repetições. As progênies foram consideradas como tratamento, sendo a unidade experimental constituída por quinze *seedlings*, totalizando 75 indivíduos por progênies. As plantas foram distribuídas em campo com espaçamento entre linhas de um metro e meio e, no início e final de cada linha foi colocado uma planta com a cultivar padrão RB92579. Durante todo o desenvolvimento das plantas (Figura 2), não foram necessárias adubações complementares, apenas irrigações diárias foram realizadas, através de um sistema de irrigação por mangueiras, controlado automaticamente com duração de 10 minutos de rega e intervalos de 6 horas.

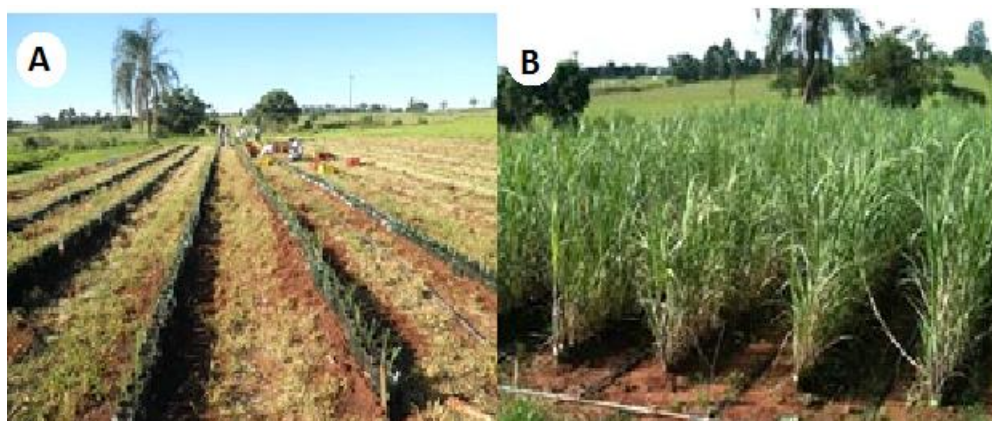


Figura 2. Transplante para pet (A), desenvolvimento dos *seedlings* em área aberta (B), Paranaíba, PR. 2013.

4.2.6 Seleções Fenotípica Antecipada de Colmos - SAC.

Aos cento e trinta e três dias em garrafas pet, estando as plantas com seus componentes de produção já formados, foi realizada a segunda seleção fenotípica com base em plantas individuais, fechando o segundo ciclo de seleção, denominada de seleção antecipada de colmos (SAC).

As plantas foram cortadas e amarradas por indivíduo (pet), em seguidas transportadas para um galpão, onde os dados foram coletados através de mensurações com base em plantas

individuais de todas as plantas por progênie, considerando-se os seguintes componentes de produção, além da ocorrência de doenças: (1) estatura do colmo principal (EC), medida em cm a partir da base do colmo até o primeiro “dewlap” visível (limbo com a bainha) de acordo com Kuijper (DILLEWIJN, 1952); (2) diâmetro do colmo principal (DC), medida em cm por meio de paquímetro no sexto internódio, correspondente a inserção da folha + 6; (3) sólidos solúveis totais (brix), do colmo principal tomado por meio de um refratômetro de campo no sexto internódio, correspondente a inserção da folha + 6 (BX); (4) número de colmos (NC), obtido por meio de contagem de todos os colmos em garrafas pet; (5) massa verde dos genótipos (MC), obtida pela pesagem em kg numa balança eletrônica (capacidade de 50 kg) de todos os colmos com folhas em cada garrafa pet; (6) ocorrência de doenças (OD), observada pela ausência ou presença das principais doenças da região.

A medida que foram concluídas as mensurações, todas as plantas foram cortadas individualmente em cinco rebolos de gema única e plantados em caixa de 40x30x15 cm com composto. Logo após o plantio, as caixas foram colocadas em estaleiro para formação de mudas, concluindo assim a clonagem de todos os genótipos antes das etapas de campo. Essa estratégia de pré-brotar as gemas para formação de mudas convencionou-se em chamar de mudas pré-brotadas (MPB), (LANDELL et al., 2012). Durante o desenvolvimento das mudas em caixas no estaleiro, não foram necessárias adubações complementares. Apenas irrigações diárias foram realizadas. Após a aclimação das MPB foi efetuado o plantio do T1 clonal.

4.2.7 Plantios do T1 Clonal em Campo.

Completado setenta e três dias as MPB, foram transplantadas individualmente para o campo originando o T1 clonal, iniciando assim a etapa de campo com os genótipos já clonados. Em campo, as progênies foram consideradas como tratamento, adotando-se o delineamento experimental em blocos completos casualizados com três repetições. A unidade experimental foi constituída por uma planta (MPB). O espaçamento entre plantas foi de 30 cm e entre as linhas de 1,0 m.

Foi realizada no local do experimento de campo a calagem conforme análise de solo no anexo, com adubação na base no sulco na ocasião do plantio na formula 10-20-20 (N, P, K) com 800 kg ha⁻¹ e na soca 20-20 (N, K) com 600 kg ha⁻¹.

Os tratos culturais do campo foram realizados conforme o sistema de produção da estação de cana-de-açúcar de Paranaíba.

Aos trezentos e cinquenta e sete dias foi realizado o corte, e efetuada a terceira seleção fenotípica com base em plantas individuais, fechando o terceiro ciclo de seleção do SSS, denominada de seleção clonal (SC).

As plantas foram cortadas e amarradas individualmente, em seguidas mensuradas com base em plantas individuais por progênie, considerando-se os seguintes componentes de produção: (1) estatura do colmo principal (EC), medida em cm a partir da base do colmo até o primeiro “dewlap” visível (limbo com a bainha) de acordo com Kuijper (DILLEWIJN, 1952); (2) diâmetro do colmo principal (DC), medido em cm por meio de paquímetro no sexto internódio, correspondente a inserção da folha + 6; (3) sólidos solúveis totais (brix), do colmo principal tomado por meio de um refratômetro de campo no sexto internódio, correspondente a inserção da folha + 6 (BX); (4) número de colmos (NC), obtido por meio de contagem de todos os colmos da touceira; (5) massa verde dos genótipos (MC), obtida pela pesagem em gramas numa balança eletrônica (capacidade de 50 kg) de todos os colmos da planta com folhas em cada touceira; (6) ocorrência de doenças (OD), observada pela ausência ou presença das principais doenças da região.

Os clones selecionados foram plantados para fase seguinte denominada T2. Os dados obtidos foram Tabulados, em seguida analisados pelo Sistema Estatístico e Seleção Genética Computadorizada – SELEGEN (RESENDE, 2006), via modelos mistos REML/BLUP (RESENDE, 2000), onde o REML (máxima verossimilhança restrita) permitiu estimar os parâmetros genéticos e BLUP (melhor predição linear não viciada) permitiu predizer os valores genéticos.

4.2.8 Metodologia Tradicional

Os trabalhos com a metodologia tradicional foram desenvolvidos na Estação Experimental de Paranaíba, durante os anos agrícolas de 2010/2012. O local e a caracterização do clima e do solo já foram descritas anteriormente no item 4.2.1, cabendo apenas descrever a adubação da cana-soca, que foi realizada após o corte da cana-planta, na formula 20-00-20 (N, K) com 600 Kg ha⁻¹. Os tratos culturais do campo foram realizados conforme o sistema de produção da Estação Experimental de Cana-de-açúcar de Paranaíba.

Os *seedlings* foram transplantados individualmente a campo aos cento e trinta e oito dias após a germinação das cariopses, dando início à primeira fase do programa de melhoramento genético tradicional de cana-de-açúcar, denominado T1. Durante o desenvolvimento das mudas no estaleiro não foram necessárias adubações complementares. Apenas irrigações diárias foram realizadas.

O delineamento foi de blocos completos casualizados com três repetições. As famílias foram consideradas como tratamento. A unidade experimental foi constituída por cinco linhas de cinco metros, com espaçamento entre plantas de 0,50 m e entre linhas de 1,40 m. O número de plantas na parcela foi de cinquenta, totalizando 150 plantas por família. Para seleção foi utilizado o mesmo critério estabelecido no SSS, com a formação de três grupos de acordo com o desenvolvimento vegetativo (vigor). Para efeito de tratamento foi estabelecido o número de quinze *seedlings* por parcela em três diferentes grupos. O primeiro grupo constituído pelas cinco plantas com maior vigor, denominadas como *seedlings* qualificados (SQ), o segundo grupo por cinco plantas com vigor intermediário, denominados de *seedlings* intermediários (SI) e o terceiro e último grupo formado pelos *seedlings* que apresentaram o menor vigor, denominados de *seedlings* não qualificados (SNQ), sendo selecionada uma planta de cada grupo (SQ, SI, SNQ) por linha da parcela, totalizando quarenta e cinco plantas por progênie.

Em agosto de 2011, completados oito meses, foi realizado o corte do T1 cana-planta, e em junho de 2012, aos trezentos e três dias (10 meses), procedeu-se a seleção em cana-soca. As plantas foram cortadas e amarradas individualmente, sendo em seguida mensuradas com base em plantas individuais por progênie, considerando-se os seguintes componentes de produção: (1) estatura do colmo principal (EC), medida a partir da base do colmo até o primeiro “dewlap” visível (limbo com a bainha) de acordo com Kuijper (DILLEWIJN, 1952); (2) diâmetro do colmo principal (DC), tomado por meio de paquímetro no sexto internódio, correspondente a inserção da folha + 6; (3) sólidos solúveis totais (brix), do colmo principal tomado por meio de um refratômetro de campo no sexto internódio, correspondente a inserção da folha + 6 (BX); (4) número de colmos (NC), obtido por meio de contagem de todos os colmos por planta; (5) massa verde dos genótipos (MC), obtida pela pesagem em balança eletrônica (capacidade de 50 kg) de todos os colmos por planta; (6) ocorrência de doenças (OD), observada pela ausência ou presença das principais doenças da região.

Ao mesmo modo que foi realizado com o SSS, os clones selecionados foram plantados para fase seguinte denominada T2. Os dados obtidos foram Tabelados, em seguida analisados pelo Sistema Estatístico e Seleção Genética Computadorizada – SELEGEN (RESENDE,

2006), via modelos mistos REML/BLUP (RESENDE, 2000), e BLUP (melhor predição linear não viciada).

4.2.9 Avaliações e Análises Genéticas Estatísticas

Os dados obtidos foram Tabelados, em seguida analisados pelo Sistema Estatístico e Seleção Genética Computadorizada – SELEGEN (RESENDE, 2006), via modelos mistos REML/BLUP (RESENDE, 2000), onde o REML (máxima verossimilhança restrita) permitiu estimar os parâmetros genéticos e BLUP (melhor predição linear não viciada) permitiu prever os valores genéticos.

Obtidos os valores genéticos preditos, foram realizadas as avaliações de concordância da distribuição dos efeitos genéticos através de gráficos de dispersão bi-variada, correlação e índice de coincidência (HAMBLIN; ZIMMERMANN, 1986) para todas as variáveis, entre a seleção em condições homogêneas (pet), em campo no T1 clonal e no T1 tradicional.

Obtidas estimativas das correlações de Pearson entre a seleção na pet, T1 clonal e T1 tradicional, as estimativas de concordância foram realizadas pelo ordenamento e distribuição dos efeitos genéticos preditos em gráficos de dispersão para todas as progênies e variáveis estudadas. Para estimar o índice de coincidência, utilizou-se a expressão de Hamblin e Zimmermann (1986): $IC = [(A-C) \div (M-C)] \times 100$, em que: A: número de progênies selecionadas em um dos modelos de seleção; C: número de clones selecionados nos dois modelos, devido ao acaso. Assume-se que, entre o número de progênies selecionadas, uma proporção igual à intensidade de seleção coincida por acaso; M: número de progênies selecionadas.

Para estimar os parâmetros e prever os efeitos genéticos preditos na seleção em pet e no T1 tradicional foi utilizado o modelo do SELEGEN 147, determinado pela expressão $y = Xr + Zg + Wp + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, g é o vetor dos efeitos genotípicos individuais (assumidos como aleatórios), p é o vetor dos efeitos de parcela, e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Para a seleção realizado no T1 clonal e estimar os efeitos genéticos da população dentro da progênie (SQ, SI e SNQ) foi utilizado o modelo 61 do SELEGEN, onde $y = Xr +$

$Za + Wp + Ts + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios), p é o vetor dos efeitos de parcela (assumidos como aleatórios), s é vetor dos efeitos de população (aleatórios) e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

4.3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.3.1 Correlações Simples, Concordância e Índice de Coincidência da Seleção

Nas Tabelas 3 a 8, encontram-se os ordenamentos das progênies pelos efeitos genéticos preditos (g), bem como as correlações, concordância da distribuição dos efeitos genéticos preditos e o índice de coincidência (IC) com intensidade de 20 e 30% para as variáveis massa verde (MC), estatura do colmo principal (EC), número de colmos (NC), diâmetro do colmo principal (DC), brix (BX) e o produto da MC x BX (MB) respectivamente na seleção em pet (P), no T1 clonal e no T1-tradicional (T). Houve diferenças nos ordenamentos dos efeitos genéticos preditos nas três etapas de seleção, para todas as variáveis avaliadas (Tabela 3 a 8). Observou-se também nesses resultados amplas amplitudes das concordâncias e dos índices de coincidência.

Para a variável MC, considerando o confronto das seleções Pet (P) x Tradicional (T), a correlação linear não foi significativa pelo teste t (Tabela 3). Este resultado indica que os indivíduos selecionados na pet não são os mesmos esperados de serem selecionados no sistema tradicional. Pelo gráfico de dispersão (Figura 3A), observa-se que entre as 21 progênies, houve concordância na seleção de 13 progênies ($C=0,62$ ou 62% das progênies). De acordo com o procedimento de Hamblin e Zimmermann (1986), os índices de coincidência com intensidade de seleção de 20% e 30% foram de $(-0,33)$ e $(0,00)$, respectivamente. Estes resultados demonstram que a seleção na pet não está diretamente relacionada com a seleção no sistema tradicional. Com isso, a seleção na pet não é efetiva para indicar as progênies de melhores valores genéticos preditos.

Entretanto, quando considerado o confronto da seleção no Clonal (C) e a seleção no Tradicional (T), para a mesma variável (MC), observou-se que houve correlação altamente significativa pelo teste t, ocorreu concordância na seleção de 16 entre as 21 progênes (C=0,76 ou 76%) e os índices de coincidência, para intensidade de seleção de 20 e 30%, foram de 1,00 (100%) e 0,40 (40%), respectivamente (Tabela 3 e Figura 3C). Considerando ainda uma intensidade de seleção de 20% no modelo clonal, seriam selecionadas as progênes de maior valor genético predito F3, F6, F11 e F14. Isto indica IC igual 100%, ou seja, todas as progênes selecionadas no clonal seriam selecionadas no tradicional.

No confronto das seleções Pet (P) x Clonal (C), as mesmas tendências para a concordância e IC foram observadas para MC (Tabela 3) (Figura 3B), contudo em menor amplitude, sendo as estimativas de g significativa pelo teste t (Tabela 3), concordância de 0,67 (67%) e IC de -0,33 (-0,33%) e 0,20 (20%) para intensidade de seleção de 20 e 30%, respectivamente.

Para a variável do produto da massa verde pelo brix (MB), o resultado não significativo do teste t (Tabela 8) para a correlação, estabelecidos pelos valores genéticos preditos das progênes, bem como, as menores magnitudes das concordância e índice de coincidência, indica que os indivíduos selecionados na Pet não são os mesmos esperados de serem selecionados no sistema Clonal e no Tradicional (Figura 3 P, Q). Contudo, as correlações significativas pelo teste t, bem como, a maior amplitude da concordância (76%) e o maior índice de coincidência (67 e 20%), com intensidade de seleção de 20 e 30%, respectivamente, indica que as progênes com maior efeito genético predito selecionadas no Clonal, seriam selecionadas no Tradicional (Tabela 8) (Figura 3 O).

Estes resultados significativos das correlações dos efeitos genéticos preditos, semelhantes nas variáveis MC e do produto massa verde pelo brix (MB), revela uma ocorrência de um alto grau de associação entre a seleção no Clonal com a seleção Tradicional praticada em nível de progênes.

Além do mais, os resultados de maior estimativa de concordância, índice de coincidência e correlações significativas pelo teste t, entre o confronto da seleção Clonal (C) x Tradicional (T), sugere que a seleção praticada no modelo clonal para essas duas variáveis, é mais efetiva que a praticada na pet.

Para as outras variáveis como estatura de colmo (EC) (Tabela 4) (Figura D, E, e F), número de colmos (NC) (Tabela 5) (Figura 3 G, H e I), diâmetro (DC) (Tabela) (Figura J, K e L) e brix (BX) (Tabela 7) (Figura M, N e O), entre o confronto da seleção na Pet (P) x Tradicional (T), Pet (P) x Clonal (C) e Clonal (C) x Tradicional, (Tabela 4 a 7), apresentaram

resultados não significativas pelo teste t, a exceção foi para a variável DC no confronto da seleção entre a Pet (P) x Clonal (C) e do brix no confronto da seleção Pet (P) x Tradicional (T). Para essas mesmas variáveis (EC, NC, DC, BX) os valores de concordância e índice de coincidência foram de menores amplitudes.

Tabela 3. Ordenamento das progênies com a correlação linear, concordância da distribuição dos efeitos genéticos preditos (g) e o índice de coincidência (IC) com intensidade de seleção de 20 e 30% da variável massa verde (MC), no sistema de seleção em pet (P), no T1 clonal (C) e no T1 tradicional (T), Paranavaí, PR. 2013

Nº	MC P Progênie	g	MC C Progênie	g	MC T Progênie	g
1	4	0,1235	3	0,9621	3	0,7292
2	21	0,0804	6	0,7198	6	0,4134
3	8	0,0765	14	0,6534	14	0,3637
4	17	0,0718	11	0,6351	11	0,2828
5	5	0,0686	10	0,5133	1	0,1903
6	2	0,0606	2	0,4410	4	0,1623
7	14	0,0567	17	0,3710	20	0,1359
8	3	0,0424	4	0,0534	8	0,1296
9	11	0,0406	12	-0,0479	17	0,0218
10	18	0,0387	1	-0,0994	15	-0,0119
11	13	0,0305	21	-0,1104	18	-0,0134
12	16	0,0239	16	-0,1150	21	-0,0262
13	6	0,0227	5	-0,1414	19	-0,0894
14	10	-0,0029	13	-0,1418	13	-0,0974
15	7	-0,0593	15	-0,1604	12	-0,1469
16	19	-0,0629	20	-0,1967	5	-0,2646
17	1	-0,0704	18	-0,2223	10	-0,2788
18	15	-0,0949	8	-0,5299	9	-0,3349
19	9	-0,1284	19	-0,8290	2	-0,3487
20	20	-0,1499	9	-0,8601	16	-0,3624
21	12	-0,1684	7	-0,8949	7	-0,4543

AVALIAÇÃO	CORRELAÇÃO LINEAR	CONCORDÂNCIA	ÍNDICE DE COINCIDÊNCIA	
			IS (20%)	IS (30%)
Pet/Tradicional	0,24 ^{ns}	0,62	-0,33	0,00
Pet/Clonal	0,43 [*]	0,67	-0,33	0,20
Clonal/Tradicional	0,60 ^{**}	0,76	1,00	0,40

IS = Intensidade de seleção.

Tabela 4. Ordenamento das progênies com a correlação linear, concordância da distribuição dos efeitos genéticos preditos (g) e o índice de coincidência (IC) com intensidade de seleção de 20 e 30% da variável estatura do colmo principal (EC), na seleção em pet (P), no T1 clonal (C) e no T1 tradicional, Paranavaí, PR. 2013

Nº	EC P Progênie	g	EC C Progênie	g	EC T Progênie	g
1	5	0.2801	6	0.5012	11	0.0517
2	21	0.2703	2	0.4598	20	0.0438
3	8	0.1525	14	0.2738	3	0.0406
4	4	0.1446	13	0.1735	13	0.0391
5	19	0.1018	17	0.1711	5	0.0361
6	17	0.1011	5	0.1446	14	0.0239
7	11	0.0921	10	0.1142	17	0.0172
8	18	0.0802	11	0.1069	8	0.0156
9	6	0.0373	3	0.0235	6	0.0106
10	14	0.0351	21	-0.0116	4	0.0041
11	16	0.0224	16	-0.0311	1	0.0004
12	3	0.0119	18	-0.0555	19	-0.0013
13	1	-0.0181	4	-0.0932	9	-0.0019
14	13	-0.0310	15	-0.1194	21	-0.0100
15	2	-0.0508	8	-0.1231	16	-0.0144
16	10	-0.0653	1	-0.1499	2	-0.0180
17	15	-0.0814	20	-0.1841	15	-0.0295
18	7	-0.2115	12	-0.2411	18	-0.0404
19	20	-0.2389	19	-0.2450	10	-0.0492
20	9	-0.3152	9	-0.3264	12	-0.0541
21	12	-0.3173	7	-0.3879	7	-0.0641

AVALIAÇÃO	CORRELAÇÃO LINEAR	CONCORDÂNCIA	ÍNDICE DE COINCIDÊNCIA	
			IS (20%)	IS (30%)
Pet/Tradicional	0.36 ^{ns}	0.67	-0.33	0.20
Pet/Clonal	0.39 ^{ns}	0.57	-0.33	0.00
Clonal/Tradicional	0.33 ^{ns}	0.71	0.00	0.40

IS = Intensidade de seleção.

Tabela 5. Ordenamento das progênies com a correlação linear, concordância da distribuição dos efeitos genéticos preditos (g) e o índice de coincidência (IC) com intensidade de seleção de 20 e 30% da variável número de colmo (NC), na seleção em pet (P), no T1 clonal (C) e no T1 tradicional (T), Paranaíba, PR. 2013

Nº	NC P Progênie	g	NC C Progênie	g	NC T Progênie	g
1	4	0.5125	12	0.4889	19	0.0709
2	2	0.4813	9	0.2490	3	0.0557
3	1	0.2531	6	0.2377	16	0.0456
4	8	0.2323	14	0.1751	14	0.0329
5	19	0.2012	17	0.1558	8	0.0266
6	15	0.1853	11	0.1251	6	0.0228
7	16	0.1634	7	0.0948	1	0.0139
8	21	0.1353	4	0.0875	15	0.0132
9	17	0.0560	3	0.0799	2	0.0076
10	12	0.0456	13	0.0532	7	0.0027
11	18	0.0145	21	-0.0324	11	0.0013
12	7	-0.0003	20	-0.0663	21	-0.0058
13	9	-0.0166	15	-0.0730	12	-0.0063
14	5	-0.0789	10	-0.1319	20	-0.0177
15	14	-0.0802	1	-0.1453	4	-0.0228
16	6	-0.2180	18	-0.1579	9	-0.0266
17	11	-0.2241	16	-0.1650	13	-0.0279
18	10	-0.2553	8	-0.1815	5	-0.0380
19	3	-0.3371	19	-0.1928	17	-0.0426
20	20	-0.5035	2	-0.2292	18	-0.0469
21	13	-0.5665	5	-0.3718	10	-0.0586

AVALIAÇÃO	CORRELAÇÃO LINEAR	CONCORDÂNCIA	ÍNDICE DE COINCIDÊNCIA	
			IS (20%)	IS (30%)
Pet/Tradicional	0.19 ^{ns}	0.52	-0.33	0.40
Pet/Clonal	0.22 ^{ns}	0.29	-0.33	-0.40
Clonal/Tradicional	0.02 ^{ns}	0.48	0.00	0.00

IS = Intensidade de seleção.

Tabela 6. Ordenamento das progênies com a correlação linear, concordância da distribuição dos efeitos genéticos preditos (g) e o índice de coincidência (IC) com intensidade de seleção de 20 e 30% da variável diâmetro do colmo principal (DC), na seleção em pet (P), no T1 clonal (C) e no T1 tradicional (T), Paranavaí, PR. 2013

Nº	DC P Progênie	g	DC C Progênie	g	DC T Progênie	g
1	3	0.2751	3	0.3417	3	0.2260
2	17	0.1377	10	0.1750	10	0.1472
3	13	0.1183	13	0.1308	6	0.1072
4	2	0.1092	5	0.1152	1	0.0993
5	10	0.0791	21	0.1127	4	0.0907
6	5	0.0652	17	0.1092	20	0.0845
7	18	0.0385	6	0.0934	2	0.0840
8	14	0.0382	18	0.0924	14	0.0503
9	4	0.0284	11	0.0748	18	0.0041
10	8	0.0100	1	0.0539	15	0.0004
11	7	-0.0040	2	0.0445	12	-0.0054
12	11	-0.0053	20	0.0351	8	-0.0140
13	15	-0.0219	12	0.0270	17	-0.0323
14	21	-0.0279	16	0.0053	16	-0.0370
15	20	-0.0576	14	-0.0264	11	-0.0482
16	16	-0.0822	4	-0.0334	5	-0.0599
17	6	-0.0969	8	-0.1167	7	-0.0843
18	1	-0.1018	15	-0.1852	21	-0.0968
19	9	-0.1147	19	-0.3350	13	-0.1073
20	12	-0.1659	9	-0.3472	9	-0.2036
21	19	-0.2217	7	-0.3669	19	-0.2051

AVALIAÇÃO	CORRELAÇÃO LINEAR	CONCORDÂNCIA	ÍNDICE DE COINCIDÊNCIA	
			IS (20%)	IS (30%)
Pet/Tradicional	0.26 ^{ns}	0.62	0.00	0.20
Pet/Clonal	0.60 [*]	0.52	0.33	0.60
Clonal/Tradicional	0.35 ^{ns}	0.43	0.33	0.20

IS = Intensidade de seleção.

Tabela 7. Ordenamento das progênies com a correlação linear, concordância da distribuição dos efeitos genéticos preditos (g) e o índice de coincidência (IC) com intensidade de seleção de 20 e 30% da variável brix do colmo principal (BX), na seleção em pet (P), no T1 clonal (C) e no T1 tradicional (T), Paranavaí, PR. 2013

Nº	BX P Progênie	g	BX C Progênie	g	BX T Progênie	g
1	19	2.3270	12	3.1967	21	0.4677
2	21	1.8980	21	3.1815	17	0.4469
3	18	1.2352	7	2.6933	1	0.3737
4	17	1.1325	9	2.5261	19	0.3034
5	4	0.6786	20	1.9490	9	0.1914
6	1	0.4900	15	1.9335	11	0.1827
7	10	0.4662	8	1.2658	12	0.1540
8	6	0.4105	13	0.5234	20	0.1540
9	11	0.3681	11	0.4580	8	0.0542
10	15	0.3496	19	0.3649	15	0.0324
11	12	-0.1663	18	0.3569	18	0.0076
12	14	-0.2042	1	0.2431	4	-0.0362
13	16	-0.2467	3	-0.5994	10	-0.0383
14	20	-0.3110	6	-0.7594	6	-0.1016
15	5	-0.6038	17	-0.9479	13	-0.1109
16	7	-0.8967	16	-1.5738	14	-0.1547
17	3	-1.1889	4	-2.0783	5	-0.1633
18	2	-1.2589	5	-2.1468	16	-0.1661
19	13	-1.3444	14	-2.7611	3	-0.2136
20	8	-1.3959	10	-3.8749	7	-0.6327
21	9	-1.7391	2	-3.9504	2	-0.7506

AVALIAÇÃO	CORRELAÇÃO LINEAR	CONCORDÂNCIA	ÍNDICE DE COINCIDÊNCIA	
			IS (20%)	IS (30%)
Pet/Tradicional	0.57 **	0.67	0.67	0.40
Pet/Clonal	0.02 ^{ns}	0.52	0.00	-0.20
Clonal/Tradicional	0.40 ^{ns}	0.86	0.00	0.20

IS = Intensidade de seleção.

Tabela 8. Ordenamento das progênies com a correlação linear, concordância da distribuição dos efeitos genéticos preditos (g) e o índice de coincidência (IC) com intensidade de seleção de 20 e 30% da variável do produto MC x BX (MB), na seleção em pet (P), no T1 clonal (C) e no T1 tradicional, Paranavaí, PR. 2013

Nº	MB P Progênie	g	MB C Progênie	g	MB T Progênie	g
1	4	0.0235	11	0.1102	3	0.1172
2	21	0.0199	6	0.1040	11	0.0774
3	17	0.0162	3	0.1012	6	0.0722
4	18	0.0084	12	0.0786	1	0.0690
5	11	0.0076	21	0.0576	14	0.0600
6	14	0.0073	17	0.0303	8	0.0307
7	6	0.0058	15	0.0280	20	0.0287
8	5	0.0057	14	0.0227	17	0.0265
9	8	0.0045	20	0.0215	21	0.0229
10	2	0.0035	1	0.0027	4	0.0191
11	16	0.0035	13	0.0001	15	0.0038
12	3	0.0012	18	-0.0196	18	0.0034
13	10	0.0008	4	-0.0351	19	-0.0080
14	13	-0.0007	8	-0.0361	13	-0.0185
15	19	-0.0042	2	-0.0363	12	-0.0187
16	1	-0.0091	16	-0.0394	9	-0.0587
17	7	-0.0113	10	-0.0501	10	-0.0604
18	15	-0.0136	5	-0.0608	5	-0.0606
19	20	-0.0220	9	-0.0683	16	-0.0741
20	9	-0.0223	7	-0.0878	2	-0.1076
21	12	-0.0249	19	-0.1236	7	-0.1243

AVALIAÇÃO	CORRELAÇÃO LINEAR	CONCORDÂNCIA	ÍNDICE DE COINCIDÊNCIA	
			IS (20%)	IS (30%)
Pet/Tradicional	0.23 ^{ns}	0.67	-0.33	0.20
Pet/Clonal	0.10 ^{ns}	0.43	-0.33	0.40
Clonal/Tradicional	0.70 ^{**}	0.76	0.67	0.20

IS = Intensidade de seleção.

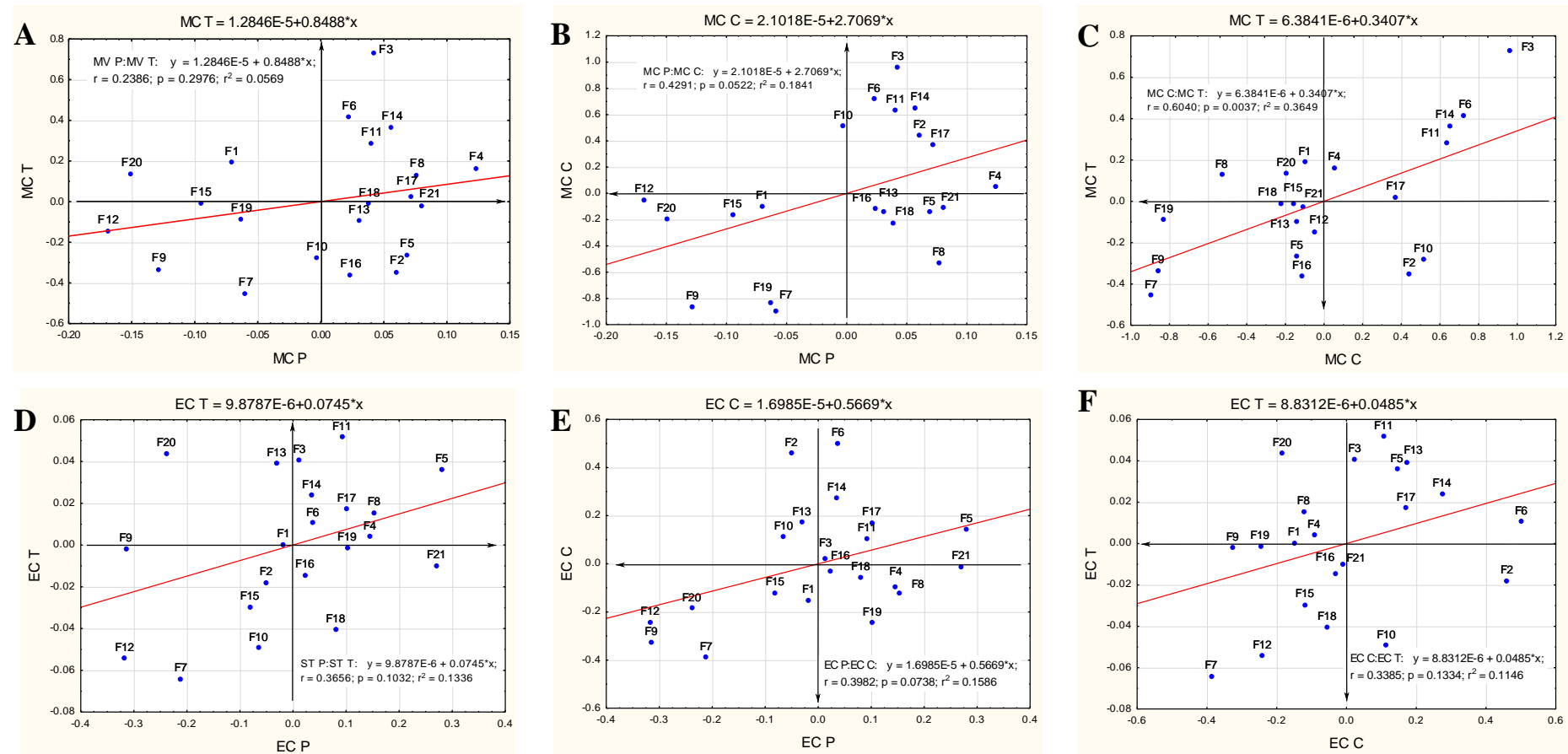


Figura 3. Distribuição dos efeitos genéticos preditos e correlações das progênies das variáveis: massa verde (MC), (A) entre a seleção em Pet (P) e a seleção no Tradicional (T), (B) entre a seleção em Pet (P) e a seleção no Clonal (C), (C) entre a seleção no Clonal (C) e a seleção no Tradicional (T); estatura do colmo principal (EC), (D) entre a seleção em Pet (P) e a seleção no Tradicional (T), (E) entre a seleção em Pet (P) e a seleção no Clonal (C), (F) entre a seleção no Clonal (C) e a seleção no Tradicional (T), Paranavai, PR. 2013.

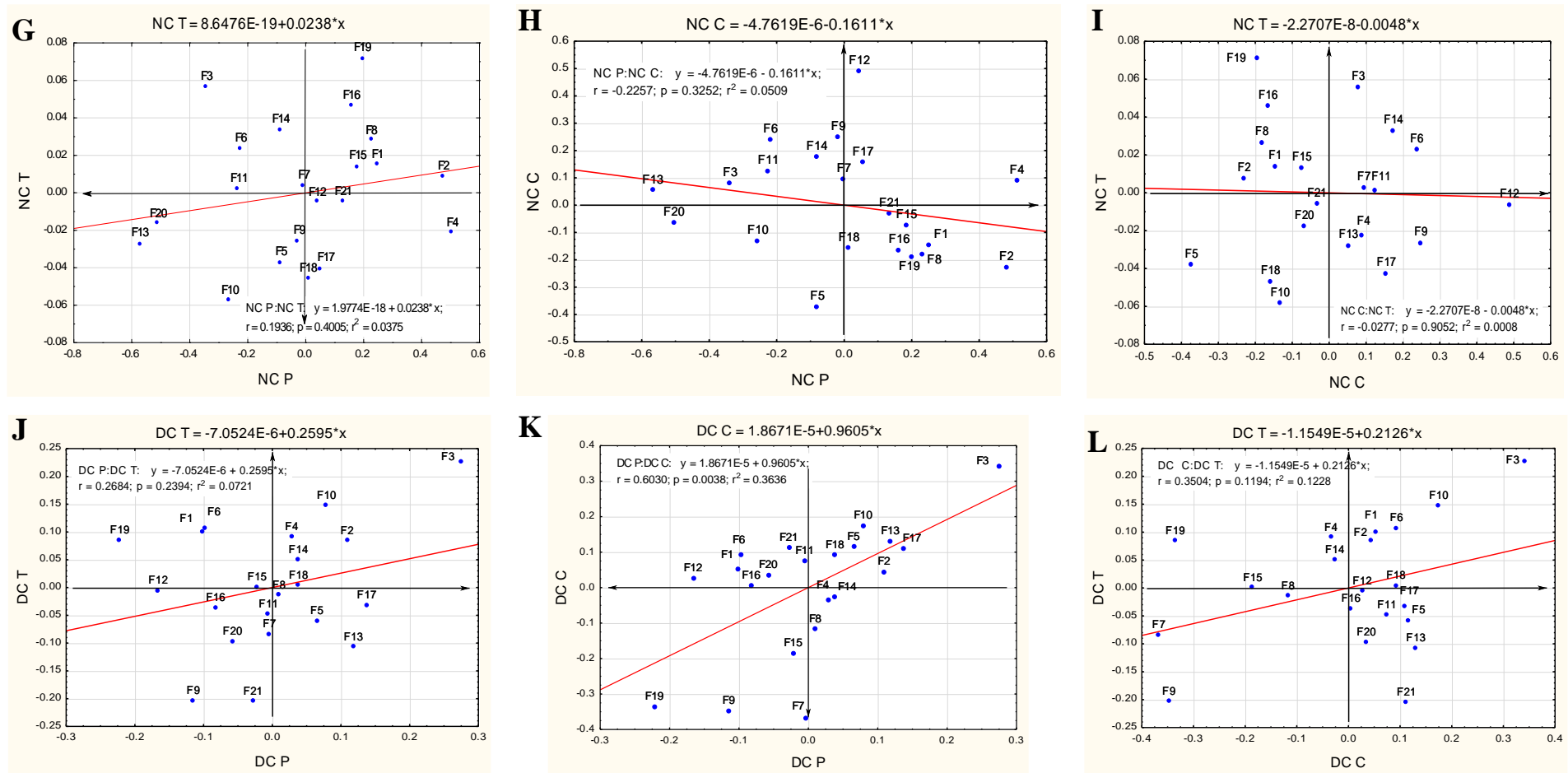


Figura 4. Distribuição dos efeitos genéticos preditos e correlações das progênies das variáveis: número de colmos (NC), (G) entre a seleção em Pet (P) e a seleção no Tradicional (T), (H) entre a seleção em Pet (P) e a seleção no Clonal (C), (I) entre a seleção no Clonal (C) e a seleção no Tradicional (T); diâmetro do colmo principal (EC), (J) entre a seleção em Pet (P) e a seleção no Tradicional (T), (K) entre a seleção em Pet (P) e a seleção no Clonal (F), (L) entre a seleção no Clonal (C) e a seleção no Tradicional (T), Paranavaí, PR. 2013.

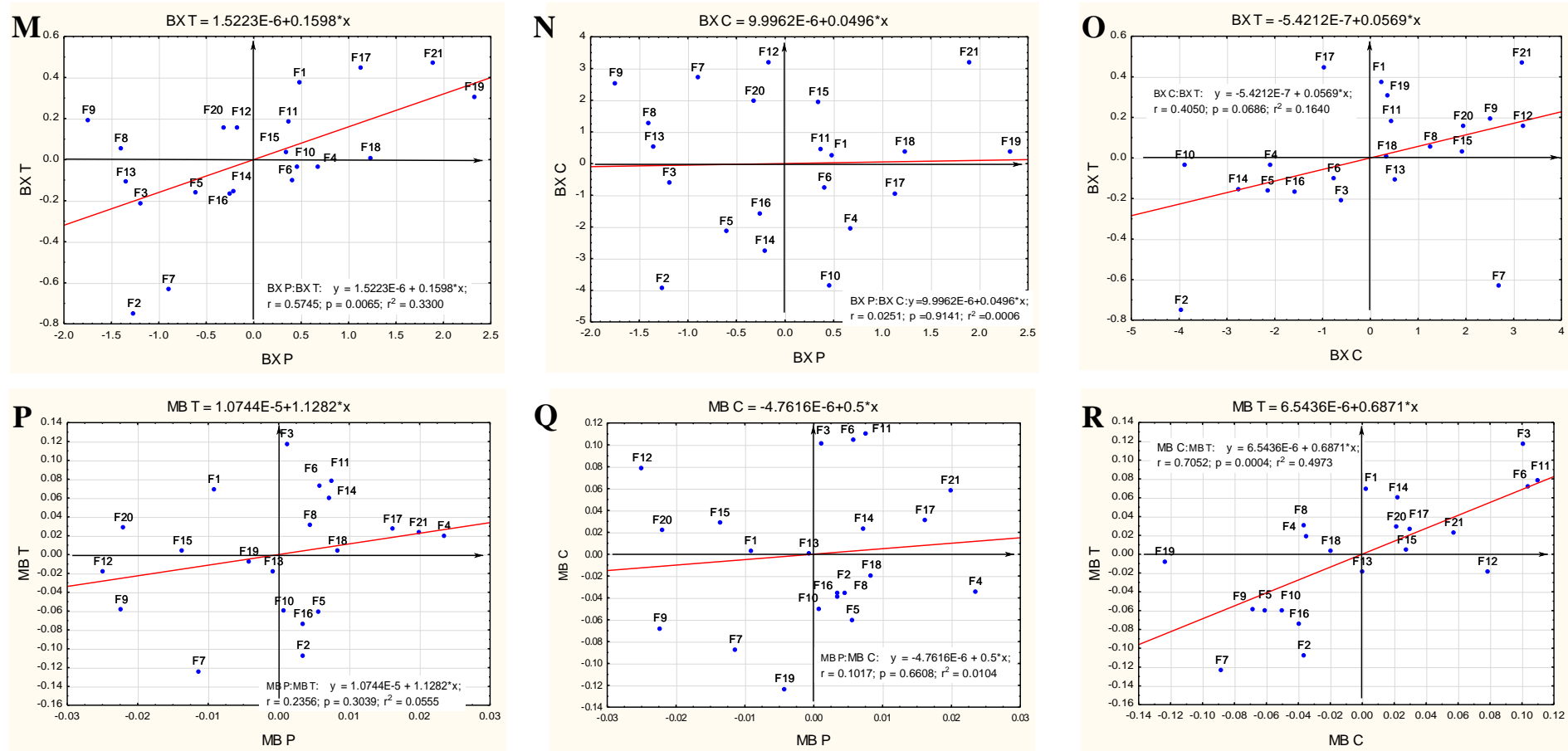


Figura 5. Distribuição dos efeitos genéticos preditos e correlações das progênies das variáveis: brix do colmo principal (BX), (M) entre a seleção em Pet (P) e a seleção no Tradicional (T), (N) entre a seleção em Pet (P) e a seleção no Clonal (C), (O) entre a seleção no Clonal (C) e a seleção no Tradicional (T); do produto da MC x BX (MB), (P) entre a seleção em Pet (P) e a seleção no Tradicional (T), (Q) entre a seleção em Pet (P) e a seleção no Clonal (F), (R) entre a seleção no Clonal (C) e a seleção no Tradicional (T), Paranavaí, PR. 2013.

4.3.2 Estimativas dos Componentes de Variância e dos Parâmetros Genéticos

O sucesso da seleção em programas de melhoramento depende da variabilidade genética existente na população. O conhecimento da variabilidade devida às diferenças genéticas existentes, manifestada pelos caracteres agronômicos nas populações, e o quanto desta é devida às diferenças genéticas é de fundamental importância em qualquer programa de melhoramento por permitir conhecer o controle genético do caráter e o potencial da população para seleção (RAMALHO et al., 2001).

Os resultados referentes às estimativas dos componentes de variância e dos parâmetros genéticos para os caracteres massa verde (MC), número de colmos por planta (NC), estatura do colmo principal (EC), diâmetro do colmo principal (DC), brix do colmo principal (BX) e do produto da MC x BX (MB) em 21 famílias de cana-de-açúcar na seleção em Pet, em campo no T1 clonal e no T1 tradicional, seguem apresentadas nas Tabelas 9 a 11.

É importante destacar que as estimativas dos parâmetros genéticos nesse trabalho foram obtidas em nível de plantas de duas populações diferentes, embora das mesmas progênie, sendo os indivíduos amostrados no do T1 clonal, os mesmos da Pet e diferentes no T1 tradicional, diferenciando entre eles o ambiente, o ano agrícola e no caso do T1 clonal, a repetição do indivíduo.

Quanto ao número de indivíduos por progênie, na Pet foi de 15 plantas por parcela, sendo 75 por progênie, totalizando 1575 plantas. No T1 clonal, 1 planta por parcela, 225 plantas por família, totalizando 4.725 indivíduos e, no T1 tradicional, 50 plantas por parcela, 150 por família, totalizando 3150 indivíduos. Leite et al. (2009) salientam que uma amostra de 16 plantas por parcela, ou ainda 96 indivíduos por família, é suficiente para obter estimativas fidedignas de parâmetros genéticos em cana-de-açúcar.

Constatou-se de maneira geral em nível de progênie alta variabilidade genética entre as progênie avaliadas para a maioria dos caracteres, conforme depreende-se das estimativas dos coeficientes de variação genotípica e das herdabilidade. Entretanto, foram observadas variações nas magnitudes das estimativas dos parâmetros genéticos do T1 tradicional que apresentou as menores magnitudes, ainda que tiveram as maiores médias, em relação a pet e ao T1 clonal.

A alta variabilidade genética (Tabela 9 a 11) pode ser atribuída a base genética diversificada da população estudada, fruto da obtenção das progênie via seleção recorrente intrapopulacional (SRI), seleção recorrente recíproca (SRR), seleção recorrente recíproca

individual (SRRI) e de autofecundação (S1) (RESENDE; BARBOSA, 2005), em dois tipos de cruzamentos, biparentais (irmãos completos) e polinização livre (meio irmãos), que parece ter sido suficiente para manifestar as diferenças observadas entre as famílias avaliadas.

Tabela 9. Estimativa dos componentes de variância e parâmetros genéticos, para as variáveis massa verde da touceira (MC), número de colmos por touceira (NC), diâmetro de colmo principal (DC), estatura de colmo principal (EC), brix do colmo principal (BX) e o produto da massa verde MC x BX (MB) de 21 progênies na pet, Paranavaí, PR. 2013

Parâmetros	MC (kg) (touceira)	NC (touceira)	EC (m)	DC (cm)	BX (%)	MB (kgx%) (touceira)
V_g	0.0082	0.1031	0.0288	0.0141	1.2914	0.0002
V_{parc}	0.0127	0.2757	0.0122	0.0133	0.7321	0.0003
V_{dentro}	0.1017	2.2055	0.0977	0.1062	5.8570	0.0025
V_f	0.1226	2.5843	0.1388	0.1335	7.8805	0.0030
h_a^2	0.133293**	0.079788**	0.415218**	0.211046**	0.327753**	0.136484**
	+0.0369	+0.0286	+0.0652	+0.0465	+0.0579	+0.0374
h_{ad}^2	0.0803	0.0467	0.2948	0.1327	0.2205	0.0824
C_{parc}^2	0.103706 ^{ns}	0.106678 ^{ns}	0.088043 ^{ns}	0.099386 ^{ns}	0.092903 ^{ns}	0.103529 ^{ns}
Média	0.3960	2.5281	1.2255	1.5897	15.0690	0.0601
h_{mp}^2	0.84	0.76	0.95	0.91	0.97	0.85
AC_{prog}	0.90	0.86	0.95	0.93	0.95	0.90
CV_g	14.3614	20.1944	15.3243	9.4132	29.2716	5.8374
CV_e	16.6782	30.7427	9.2904	8.5044	20.5176	6.6843
CV_g/CV_e	0.86	0.66	1.65	1.11	1.43	0.87

**, *, ^{ns}, – Significativos pelo teste do X^2 aos níveis de 5%, 1% e não significativo, respectivamente. Variância genotípica entre progênies V_g , variância ambiental entre parcelas V_{parc} , variância residual dentro de parcela V_{dentro} , variância fenotípica individual V_f , herdabilidade individual no sentido restrito h_a^2 , herdabilidade aditiva dentro de parcela h_{ad}^2 , coeficiente de determinação dos efeitos de parcela C_{parc}^2 , média geral do experimento, herdabilidade média das progênies h_{mp}^2 , acurácia da seleção de progênies AC_{prog} , coeficiente de variação genético CV_g , coeficiente de variação ambiental CV_e , relação do coeficiente de variação genético pelo coeficiente variação ambiental CV_g/CV_e .

Os coeficientes de variação experimental (CV_e) apresentaram magnitudes que conferem boa precisão experimental (Tabelas 9 a 11). Os maiores valores para CV_e foram encontrados para os caracteres MC e NC, sendo os dois para o T1 tradicional (Tabela 11) e o último para a pet (Tabela 12). Os caracteres EC e DC apresentaram valores inferiores a 10%, na pet, no T1 clonal e no T1 tradicional, bem como o BX no clonal.

As magnitudes dos valores apresentados são similares com os descritos na literatura (OLIVEIRA, 2007; SILVA, 2009; DE PAULA, 2013; ALMEIDA et al, 2014). Contudo, de acordo classificação dos CV proposta por Gomes (2009), os caracteres no T1 tradicional e na pet estariam classificados como de magnitude muito alto a alto, o que implica baixa precisão experimental, e os do T1 clonal de médio a baixo, mostrando boa precisão experimental. Vale ressaltar que entre e dentro dos ensaios na pet, T1 clonal e T1 tradicional, as variáveis apresentaram uma ampla faixa de magnitudes de CV. Este fato se justifica uma vez que, os ensaios terem sido conduzidos em anos agrícolas e condições diferentes (pet e campo), além das diferenças entre as populações pet/T1 clonal da população do T1 tradicional.

Tabela 10. Estimativa dos componentes de variância e parâmetros genéticos, para as variáveis massa verde da touceira (MC), número de colmos por touceira (NC), diâmetro de colmo principal (DC), estatura de colmo principal (EC), brix do colmo principal (BX) e o produto da massa verde MC x BX (MB) de 21 progênies no T1 clonal, Paranavaí, PR. 2013

Parâmetros	MC (kg) (touceira)	NC (touceira)	EC (m)	DC (cm)	BX (%)	MB (kgx%) (touceira)
V_g	0.3551	0.0942	0.0600	0.0350	4.8374	0.0057
V_{parc}	0.1600	0.1388	0.0046	0.0039	0.1408	0.0034
V_{proc}	0.1855	0.1168	0.0168	0.0042	0.0697	0.0041
V_e	8.3811	7.8197	0.2478	0.2343	8.9679	0.1731
V_f	9.0817	8.1695	0.3292	0.2774	14.0159	0.1862
h_a^2	0.039097**	0.011527**	0.182225**	0.126033**	0.345139**	0.030624**
	+0.0097	+0.0053	+0.021	+0.0175	+0.0289	+0.0086
C_{parc}^2	0.017619**	0.016991**	0.014035**	0.014147**	0.010044**	0.018017**
C_{proc}^2	0.020421**	0.014298**	0.051094**	0.015187**	0.004976 ^{ns}	0.022114**
Média	2.7275	3.4577	1.8330	2.0075	14.3416	0.3745
h_{mp}^2	0.85	0.65	0.95	0.93	0.97	0.82
AC_{prog}	0.91	0.79	0.96	0.95	0.97	0.89
CV_g	21.8472	8.8752	13.3615	9.3145	15.3360	20.1637
CV_e	14.8938	10.9549	3.7671	3.1758	2.6655	15.7024
CV_g/CV_e	1.47	0.81	3.55	2.93	5.75	1.28

**, *, ^{ns}, – Significativos pelo teste do X^2 aos níveis de 5%, 1% e não significativo, respectivamente. Variância genotípica entre progênies V_g , variância ambiental entre parcelas V_{parc} , variância genética entre populações V_{proc} , variância residual V_e , variância fenotípica individual V_f , herdabilidade individual no sentido restrito h_a^2 , coeficiente de determinação dos efeitos de parcela C_{parc}^2 , coeficiente de determinação dos efeitos de populações C_{proc}^2 , média geral do experimento, herdabilidade média das progênies h_{mp}^2 , acurácia da seleção de progênies AC_{prog} , coeficiente de variação genético CV_g , coeficiente de variação ambiental CV_e , relação do coeficiente de variação genético pelo coeficiente variação ambiental CV_g/CV_e .

Para Couto et al., (2013), os coeficientes de variação em experimentos de cana-de-açúcar, para algumas das variáveis utilizadas pela maioria dos pesquisadores, apresentam intervalos específicos de classificação, mostrando a necessidade de se considerar na classificação dos CV, as especificidades da cultura e a natureza da variável estudada.

Segundo Resende e Duarte (2007), os valores de CV_e são relativamente empíricos uma vez que não informam sobre a acurácia seletiva da avaliação e, conseqüentemente, não consideram nível de variação genotípica e o número de repetições, mostrando ser um parâmetro inadequado para avaliar a qualidade de experimentos. A acurácia expressa à correlação entre o valor genotípico verdadeiro do tratamento genético, e aquele estimado ou predito a partir das informações dos experimentos.

Tabela 11. Estimativa dos componentes de variância e parâmetros genéticos, para as variáveis massa verde da touceira (MC), número de colmos por touceira (NC), diâmetro de colmo principal (DC), estatura de colmo principal (EC), brix do colmo principal (BX) e o produto da massa verde MC x BX (MB) de 21 progênies no T1 tradicional, Paranavaí, PR. 2013

Parâmetros	MC (kg) (touceira)	NC (touceira)	EC (m)	DC (cm)	BX (%)	MB (kgx%) (touceira)
V_g	0.2305	0.3316	0.0059	0.0135	0.5731	0.0085
V_{parc}	0.3484	0.7588	0.0106	0.0110	1.1586	0.0121
V_{dentro}	6.2479	15.7152	0.1368	0.1534	7.4728	0.2035
V_f	6.8268	16.8056	0.1532	0.1779	9.2046	0.2241
h_a^2	0.06752*	0.03946 ^{ns}	0.076691 ^{ns}	0.152276**	0.124533 ^{ns}	0.075617*
	+/-0.0352	+/-0.0268	+/-0.0374	+/-0.0527	+/-0.0477	+/-0.0372
h_{ad}^2	0.0352	0.0211	0.0430	0.0883	0.0767	0.0416
C_{parc}^2	0.051037 ^{ns}	0.045151 ^{ns}	0.068952*	0.061606 ^{ns}	0.125873**	0.054132 ^{ns}
Média	3.54	6.31	1.42	2.29	16.87	0.61
h_{mp}^2	0.34	0.19	0.36	0.62	0.48	0.38
AC_{prog}	0.57	0.43	0.59	0.77	0.67	0.60
CV_g	25.4901	22.9420	6.4322	7.6868	18.4308	11.7959
CV_e	38.7515	45.4374	9.4348	7.7813	22.8949	17.0052
CV_g/CV_e	0.66	0.50	0.68	0.99	0.81	0.69

**, *, ^{ns} – Significativos pelo teste do X² aos níveis de 5%, 1% e não significativo respectivamente. Variância genotípica entre progênies V_g , variância ambiental entre parcelas V_{parc} , variância residual dentro de parcela V_{dentro} , variância fenotípica individual V_f , herdabilidade individual no sentido restrito h_a^2 , herdabilidade aditiva dentro de parcela h_{ad}^2 , coeficiente de determinação dos efeitos de parcela C_{parc}^2 , média geral do experimento, herdabilidade média das progênies h_{mp}^2 , acurácia da seleção de progênies AC_{prog} , coeficiente de variação genético CV_g , coeficiente de variação ambiental CV_e , relação do coeficiente de variação genético pelo coeficiente variação ambiental CV_g/CV_e .

Resende (2002), enfatiza que por ser uma medida associada a precisão na seleção, a acurácia é o principal elemento do progresso genético, em que o melhorista pode alterar com o objetivo de maximizar o ganho genético. Segundo Henderson (1984), no contexto da avaliação genotípica, o parâmetro mais importante é a acurácia seletiva.

Os valores de AC_{prog} observados foram considerados altos a muitos altos (maior ou igual a 0,90) para todos os caracteres avaliados na pet (Tabla 9) e no T1 clonal (Tabela 10). A exceção foi para o T1 tradicional, que apresentou menores magnitudes considerados como moderados para sua maioria dos caracteres (RESENDE, DUARTE, 2007), o que condiciona o T1 tradicional a uma moderada qualidade experimental neste estudo, mesmo em si tratando de seleção de progênes, uma vez que, com base nas médias das famílias, a herdabilidade tem se mostrado superior em relação a herdabilidade com base em plantas individuais (PEDROZO et al., 2011).

Os valores estimados da acurácia na pet (Tabela 9) para os caracteres MC, NC, EC, DC e BX foram de 0,90; 0,86; 0,95; 0,93; 0,95 e 0,90 respectivamente. Para os mesmos caracteres no T1 clonal (Tabela 10) os valores estimados variaram de 0,91; 0,79; 0,96; 0,95; 0,97; 0,89 e, para o T1 tradicional (Tabela 11) foi de 0,57; 0,43; 0,59; 0,77; 0,67 e 0,60. Valores semelhantes para os caracteres BX e ET (0,92 e 0,92), com as maiores acurácias foram observados no T1 por Pedroso et al. (2011).

Na pet e no T1 clonal detectou-se a relação CV_g/CV_e superior à unidade para os caracteres EC, DC e BX (Tabela 9 e 10) e, para o T1 clonal acrescenta-se ainda a MC e MB. Similarmente, Singh et al. (1981) relataram uma menor influência do ambiente nos caracteres EC e BX, ao estudar 48 cultivares de cana-de-açúcar, bem como Pedrozo (2006) estudando 130 genótipos na fase T1. Segundo Vencovsky (1987), isto indica que a variação genética para estas características supera a variação ambiental, sendo tal fato uma garantia da possibilidade de sucesso na seleção para estes caracteres. O coeficiente de variação genética expressa à magnitude da variação genética em relação à média do caráter. Assim sendo, maiores serão as chances de ganhos com a seleção para o T1 clonal, por apresentar a relação CV_g/CV_e superior à unidade para maioria dos caracteres. Resende e Duarte (2007) relataram ainda que, com números de repetições por experimento superior a cinco, valores de CV_g/CV_e inferiores à unidade também podem propiciar elevadas acurácia e precisão.

Outro ponto importante para a seleção é a presença de variabilidade genética na população. Pode ser observado pelos resultados apresentados nas Tabelas de 9 a 11, que a

variável DC, apresentou variação genética inferior (CV_g (%) <10) nos três experimentos, pet, T1 clonal e T1 tradicional, indicando que a seleção com base apenas neste caráter pode ser restrita, devido à baixa presença de variabilidade genética. Entretanto, ao considerar a relação CV_g/CV_e , pet (1,11), T1 clonal (2,93) e T1 tradicional (0,99), nota-se que grande parte da variação foi genética. Similarmente, Oliveira (2007), estudando a seleção de famílias de maturação precoce em cana-de-açúcar, relatou a variação genética inferior (CV_g (%) <10) para variável DC.

Paiva et al. (2002) citam que para haver sucesso no melhoramento de uma espécie é fundamental a presença de variabilidade genética, lembrando ainda, que fatores como método de seleção adotado, as correlações genéticas e fenotípicas entre caracteres, o tipo de ação gênica envolvida e a precisão experimental, influenciam neste processo.

Dentre os vários parâmetros genéticos estudados em uma população, o mais considerado por melhoristas, com o intuito de investigar a natureza da variabilidade observada, segundo Falconer (1981), é a herdabilidade, devido ao fato desta levar em conta todos os componentes de variância. Nas Tabelas de 9 a 11 estão apresentadas as estimativas dos componentes de variância e de alguns parâmetros genéticos das características avaliadas ao nível individual de tomada de dados, conforme modelo estatístico 147 do Selegen na pet e no T1 tradicional e do modelo 61 do Selegen no T1 clonal.

Analisando a herdabilidade individual no sentido restrito, verifica-se que no T1 tradicional (Tabela 11) foi de baixa magnitude para todos os caracteres, com significâncias confirmadas por meio de análise de “Deviance” (RESENDE, 2007) para MC, DC e MB. Entretanto, para a pet (Tabela 9) e o T1 clonal (Tabela 10), foi observado, além de uma similaridade entre as herdabilidades individuais no sentido restrito, uma maior magnitude, com significância para todos os caracteres dentro de cada experimento. As Tabelas de análises de “Deviance” se encontra em anexo.

Verifica-se que apenas os caracteres EC e BX no clonal (Tabela 10) e mais o DC na pet (Tabela 9) possuiu h_a^2 moderada magnitude (>0,15<0,50), sendo que o referido erro padrão foi de pequena magnitude, indicando que esta herdabilidade é estatisticamente diferente de zero. Já para as demais características, as h_a^2 possuíram magnitudes baixas, sendo também relativamente baixos os seus respectivos erros padrões, indicando, também, herdabilidades estatisticamente diferentes de zero. Estas significâncias foram confirmadas por meio de análises de “Deviance”, conforme Resende (2007).

Para os efeitos genéticos não significativos observados na análise de “Deviance” para os caracteres NC, EC e BX no T1 tradicional (Tabela 11), indica que para esses caracteres, toda a variabilidade observada é de natureza ambiental e não há possibilidade de seleção. Este resultado, sugere que para estes caracteres a seleção praticada no T1 clonal e na pet é mais efetiva que a praticada no T1 tradicional, mesmo com h_a^2 apresentando baixa magnitudes.

De acordo classificação descrita por Resende, (2002) a herdabilidade pode ser considerada como de baixa magnitude quando $h_a^2 < 0,15$, média magnitude entre 0,15 a 0,50 e alta magnitude com $h_a^2 > 0,50$.

Considerando as estimativas da herdabilidade da média da progênie no sentido amplo (h_{mp}^2), verifica-se que estas foram altas na pet (Tabela 9) e no T1 clonal (Tabela 10), variando de 0,65 a 0,97, favorecendo o processo de seleção de progênies promissoras neste dois experimentos, uma vez que, as estimativas de acurácia seletiva foram também consideradas altas a muita altas. No entanto, para o T1 tradicional (Tabela 11) as estimativas da herdabilidade foram moderadas a alta, variando de 0,19 a 0,62, sendo observado assim, uma grande variação das estimativas do T1 tradicional para o T1 clonal e a pet.

A menor estimativas da herdabilidade da média de família no sentido amplo (h_{mp}^2) foi observado para o caráter NC, variando de alta para média, sendo 0,76, 0,65 e 0,19 respectivamente para pet (Tabela 9), T1 clonal (Tabela 10) e T1 tradicional (Tabela 11) e, as maiores foi para os caracteres EC, DC e BX em magnitudes variando entre 0,91 a 0,97 para a pet e o T1 clonal e de 0,36 a 0,62 para o T1 tradicional. Oliveira (2007) obteve resultados semelhantes trabalhando com a série RB03 do PMGCA da UFPR para os caracteres NC (0,80), DC (0,83), EC (0,83) e BX (0,87). Pedrozo (2006), trabalhando com eficiência da seleção em fases iniciais no melhoramento da cana-de-açúcar obteve para o caráter DC (0,47), EC (0,65) e BX (0,66).

Em um experimento conduzido com genótipos provenientes de três origens, Sharma e Singh (1998) encontraram moderada h_{mp}^2 para MC, EC e DC (0,34 a 0,53, 0,42 a 0,50 e 0,33 a 0,39, respectivamente) e alta herdabilidade para Brix (0,62 a 0,72).

Skinner et al. (1987) mostraram que as estimativas de herdabilidade considerando a média de famílias foram superiores àquelas considerando plantas individuais. Para os caracteres DC, EC e BX, por exemplo, as estimativas considerando famílias variaram de 0,70 a 0,71, de 0,40 a 0,84 e de 0,53 a 0,90, respectivamente.

Pelos trabalhos mencionados, observa-se que os coeficientes de herdabilidade sofrem grandes variações de acordo com a população e com as fases de seleção consideradas. Logo, pode-se inferir que as estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos em cana-de-açúcar são peculiares àquelas populações e fases consideradas, sendo, até certo ponto, impossível e arriscado extrapolar resultados encontrados na literatura para outras condições, tornando necessário que estas estimativas sejam obtidas para populações e condições em que o melhorista esteja trabalhando (ZACARIAS, 1977).

A estimação dos parâmetros genéticos tem fundamental importância no melhoramento genético, pois revela os efeitos envolvidos na obtenção de novas populações melhoradas. Por meio destes parâmetros é possível identificar a magnitude da variabilidade genética, os efeitos causados pelo ambiente e as herdabilidades dos caracteres estudados.

A grande influência do ambiente nos genótipos de cana-de-açúcar avaliados nas fases iniciais de seleção é responsável pelas baixas estimativas de herdabilidade encontrados nestas fases (SKINNER et al., 1987), sendo maior a influência do ambiente na seleção em nível de indivíduos e moderada em nível de famílias, pois em nível de famílias os desvios dos efeitos ambientais dos indivíduos tende a se anular, com isso, a média fenotípica da família será mais próxima da média genotípica.

Num programa de melhoramento, é muito importante caracterizar o quanto das diferenças fenotípicas que se observam entre os indivíduos se deve às diferenças na sua constituição genética ou nas diferenças ambientais.

Os resultados revelaram para a pet e o T1 clonal uma melhor eficiência de seleção, favorecendo antecipadamente o processo de seleção de indivíduos e famílias, uma vez que, as estimativas da herdabilidade da média de família no sentido amplo (h_{mp}^2), da acurácia seletiva, do coeficiente de variação genético e da relação CV_g/CV_e apresentaram as maiores magnitudes, quando comparado com o sistema tradicional para todos os caracteres.

A essa maximização dos parâmetros genéticos junto ao T1 clonal, aparece como aliado a seleção antecipada, que além de possibilitar a seleção o descarte de genótipos antes das etapas de campo, permitirá também, consideravelmente, a diminuição da população inicial, a área e o tempo de desenvolvimento de uma nova cultivar, uma vez que os indivíduos pré-selecionados para o T1 clonal já se encontram em multiplicação.

A estratégia ótima de seleção de indivíduos nas fases iniciais do melhoramento de cana-de-açúcar seria através dos valores genotípicos preditos pelo BLUP (RESENDE, 2002), que contemplaria simultaneamente as informações de família e de indivíduo. No entanto, este

método não tem sido utilizado no melhoramento da cana-de-açúcar devido às dificuldades práticas em se obter dados de plantas individuais. Neste caso, o T1 clonal por apresentar uma população potencialmente menor e com indivíduos pré-selecionados, pode se tornar uma alternativa viável para estimar os valores genotípicos preditos pelo BLUP.

Deve-se considerar também que os parâmetros genéticos estimados variam entre as populações, justificada pela diferença na base genética. De todo modo, a alta magnitude das estimativas de herdabilidade no sentido amplo implica em sucesso na seleção entre e dentro de progênes.

Pela magnitude das estimativas do coeficiente de variação genéticos (CV_g), herdabilidade (h_a^2), acurácia (AC_{prog}) e da relação CV_g/CV_e encontrados presentes neste estudo, ressalta-se que a estratégia mais efetiva para seleção nas fases iniciais poderia basear-se na seleção antecipada antes das etapas de campo, com a avaliação em campo dos indivíduos pré-selecionados e clonadas, o que se convencionou chamar neste trabalho de T1 clonal.

Os valores de herdabilidade observados no T1 clonal (Tabela 10) indicam a existência de variabilidade genética e reforçam as boas perspectivas em relação ao avanço genético dos caracteres avaliados. Segundo Falconer (1981), as estimativas de herdabilidades tem a finalidade de orientar o melhorista sobre a quantidade relativa de variância genética útil para o melhoramento. Salientam ainda que a herdabilidade não é uma propriedade apenas de um caráter, mas também da população e das circunstâncias de ambientes às quais os indivíduos estão sujeitos. O seu valor pode ser afetado se houver alteração em qualquer um dos componentes das variâncias genética e fenotípica.

Um outro parâmetro que se apresenta como outra grande vantagem se refere à acurácia observada no T1 clonal, alcançando estimativas muito altas (0,79) para todos os caracteres estudados, que são correlacionados com a produção, de forma que quanto maior for o valor desse parâmetro na avaliação para um determinado caráter, maior é a confiança na avaliação e nos valores genotípicos preditos dos genótipos para um determinado caráter.

Resende (2002) relata que a acurácia seletiva depende da herdabilidade e da repetibilidade do caráter, da quantidade e da qualidade das informações e procedimentos utilizados na predição dos valores genotípicos. Assim, em termos comparativos para a prática de seleção, os resultados deste estudo sugerem que o T1 clonal formado por uma população pré-selecionada e clonada é uma opção para as fases iniciais no melhoramento genético da cana-de-açúcar.

Na seleção e clonagem de genótipos avaliados em testes de progênes, torna-se imprescindível a predição dos valores genotípicos e não apenas dos valores genéticos aditivos (RESENDE, 2002). Esse mesmo autor, relata ainda que o sucesso do melhoramento genético depende, sobretudo, da adoção de procedimentos acurados de seleção, os quais se baseiam tanto na estimação dos componentes de variância, quanto na predição dos valores genéticos.

Neste caso, outro aspecto importante para avaliação da seleção efetuada antecipadamente e conduzida na pet e no T1 clonal, levando-se em conta as magnitude das estimativas de h_a^2 da acurácia seletiva e da relação CV_g/CV_e para todos os caracteres observadas neste estudo, é estimar o avanço genético esperado – AGE.

4.3.3 Avanços Genéticos Esperados com a Seleção de Populações dentro das Progênes e a Eficiência dada pela Razão da Acurácia pelo Tempo.

As médias genotípicas (m) e os avanços genéticos esperados (AGE-%) sob três populações antecipadamente selecionadas, constituídas pelos *seedlings* qualificados (SQ) pelas plantas de maior vigor, pelos *seedlings* identificados pelas plantas com vigor intermediário (SI) e os *seedlings* não qualificados (SNQ) pelas plantas de menor vigor, avaliadas inicialmente na pet e posteriormente no T1 clonal estão apresentados nas Tabelas de 12 a 17.

Os AGE na população constituídas pelos *seedlings* qualificados (SQ) pelas plantas de maior vigor, para todos os caracteres avaliados foram quase duas vezes superiores a população dos *seedlings* identificados pelas plantas com vigor intermediário (SI), tanto no sistema pet como no T1 clonal, por outro lado, a população formada pelos *seedlings* não qualificados (SNQ) pelas plantas de menor vigor, não foi observado avanços genéticos – AGE (Tabelas de 12 a 17).

Tabela 12. Avanços genéticos esperados (AGE-%) do caráter massa verde (MC) nas populações constituídas pelos *seedlings* qualificados (SQ) pelas plantas de maior vigor, pelos *seedlings* identificados pelas plantas com vigor intermediário (SI) e os *seedlings* não qualificados (SNQ) pelas plantas de menor vigor, avaliados em nível de planta na seleção fenotípica antes das etapas de campo na pet e no T1 clonal, Paranavaí, PR. 2013

Caracteres	Seleção	População	Ranking	Média	g	u + g	Ganho	Nova Média	AGE%
MC (kg)	Pet	SQ	1		0.1168	0.5121	0.1168	0.5121	29.55
		SI	2	0.3953	-0.0090	0.3863	0.0539	0.4492	13.64
		SNQ	3		-0.1078	0.2875	0.0000	0.3953	0.00
	Clonal	SQ	1		0.3520	3.0795	0.3520	3.0795	12.91
		SI	2	2.7275	0.0335	2.7610	0.1928	2.9202	7.07
		SNQ	3		-0.3856	2.3419	0.0000	2.7274	0.00

Efeito genotípico predito g; média genotípica ou valores genotípicos u + g.

Tabela 13. Avanços genéticos esperados (AGE-%) do caráter número de colmo por touceira (NC) nas populações constituídas pelos *seedlings* qualificados (SQ) pelas plantas de maior vigor, pelos *seedlings* identificados pelas plantas com vigor intermediário (SI) e os *seedlings* não qualificados (SNQ) pelas plantas de menor vigor, avaliados em nível de planta na seleção fenotípica antecipada antes das etapas de campo na pet e no T1 clonal, Paranavaí, PR. 2013

Caracteres	Seleção	População	Ranking	Média	g	u + g	Ganho	Nova Média	AGE%
NC	Pet	SQ	1		0.1537	2.6815	0.1537	2.6815	6.08
		SI	2	2.5278	-0.0283	2.4995	0.0627	2.5905	2.48
		SNQ	3		-0.1255	2.4023	0.0000	2.5277	0.00
	Clonal	SQ	1		0.2267	3.6824	0.2267	3.6824	6.56
		SI	2	3.4557	0.0643	3.5200	0.1455	3.6012	4.21
		SNQ	3		-0.2910	3.1647	0.0000	3.4557	0.00

Efeito genotípico predito g; média genotípica ou valores genotípicos u + g.

Tabela 14. Avanços genéticos esperados (AGE-%) do caráter estatura do colmo principal (EC) nas populações constituídas pelos *seedlings* qualificados (SQ) pelas plantas de maior vigor, pelos *seedlings* identificados pelas plantas com vigor intermediário (SI) e os *seedlings* não qualificados (SNQ) pelas plantas de menor vigor, avaliados em nível de planta na seleção fenotípica antecipada antes das etapas de campo na pet e no T1 clonal, Paranavaí, PR. 2013

Caracteres	Seleção	População	Ranking	Média	g	u + g	Ganho	Nova Média	AGE%
EC (m)	Pet	SQ	1		0.1592	1.3847	0.1592	1.3847	12.99
		SI	2	1.2255	0.0125	1.2380	0.0859	1.3113	7.01
		SNQ	3		-0.1717	1.0538	0.0000	1.2255	0.00
	Clonal	SQ	1		0.1081	1.9411	0.1081	1.9411	5.90
		SI	2	1.8330	0.0300	1.8630	0.0691	1.9021	3.77
		SNQ	3		-0.1381	1.6949	0.0000	1.8330	0.00

Efeito genotípico predito g; média genotípica ou valores genotípicos u + g.

Tabela 15. Avanços genéticos esperados (AGE-%) do caráter diâmetro do colmo principal (DC) nas populações constituídas pelos *seedlings* qualificados (SQ) pelas plantas de maior vigor, pelos *seedlings* identificados pelas plantas com vigor intermediário (SI) e os *seedlings* não qualificados (SNQ) pelas plantas de menor vigor, avaliados em nível de planta na seleção fenotípica antecipada antes das etapas de campo na pet e no T1 clonal, Paranavaí, PR. 2013

Caracteres	Seleção	População	Ranking	Média	g	u + g	Ganho	Nova Média	AGE%
DC (cm)	Pet	SQ	1	1.5897	0.0626	1.6523	0.0626	1.6523	3.94
		SI	2		0.0135	1.6032	0.0381	1.6278	2.39
		SNQ	3		-0.0761	1.5136	0.0000	1.5897	0.00
	Clonal	SQ	1	2.0075	0.0463	2.0538	0.0463	2.0538	2.31
		SI	2		0.0119	2.0194	0.0291	2.0366	1.45
		SNQ	3		-0.0582	1.9493	0.0000	2.0075	0.00

Efeito genotípico predito g; média genotípica ou valores genotípicos u + g.

Tabela 16. Avanços genéticos esperados (AGE-%) do caráter brix do colmo principal (BX) nas populações constituídas pelos *seedlings* qualificados (SQ) pelas plantas de maior vigor, pelos *seedlings* identificados pelas plantas com vigor intermediário (SI) e os *seedlings* não qualificados (SNQ) pelas plantas de menor vigor, avaliados em nível de planta na seleção fenotípica antecipada antes das etapas de campo na pet e no T1 clonal, Paranavaí, PR. 2013

Caracteres	Seleção	População	Ranking	Média	g	u + g	Ganho	Nova Média	AGE%
BX (%)	Pet	SQ	1	15.0690	0.4413	15.5103	0.4413	15.5103	2.93
		SI	2		0.0142	15.0832	0.2278	15.2968	1.51
		SNQ	3		-0.4555	14.6135	0.0000	15.0690	0.00
	Clonal	SQ	1	14.3416	0.0794	14.4210	0.0794	14.4210	0.55
		SI	2		0.0595	14.4011	0.0695	14.4110	0.48
		SNQ	3		-0.1390	14.2026	0.0000	14.3415	0.00

Efeito genotípico predito g; média genotípica ou valores genotípicos u + g.

Tabela 17. Avanços genéticos esperados (AGE-%) do caráter do produto MC x BX (MB) nas populações constituídas pelos *seedlings* qualificados (SQ) pelas plantas de maior vigor, pelos *seedlings* identificados pelas plantas com vigor intermediário (SI) e os *seedlings* não qualificados (SNQ) pelas plantas de menor vigor, avaliados em nível de planta na seleção fenotípica antecipada antes das etapas de campo na pet e no T1 clonal, Paranavaí, PR. 2013

Caracteres	Seleção	População	Ranking	Média	g	u + g	Ganho	Nova Média	AGE%
MB (kg)	Pet	SQ	1	0.0601	0.0183	0.0784	0.0183	0.0784	30.47
		SI	2		-0.0012	0.0589	0.0086	0.0686	14.24
		SNQ	3		-0.0171	0.0430	0.0000	0.0601	0.00
	Clonal	SQ	1	0.3745	0.0557	0.4302	0.0557	0.4302	14.87
		SI	2		0.0005	0.3750	0.0281	0.4026	7.50
		SNQ	3		-0.0562	0.3183	0.0000	0.3745	0.00

Efeito genotípico predito g; média genotípica ou valores genotípicos u + g.

Este resultado da regularidade dos maiores AGE apresentada pela população constituída dos melhores *seedlings* (SQ), selecionados antecipadamente na fase juvenil, sugere que a seleção aplicada aos 103 dias em *seedlings* antes da etapa de campo, foi efetiva para selecionar não só as melhores plantas, bem como, o descarte das plantas com menor desenvolvimento inicial (SNQ), o que pode-se chamar de “seleção negativa”.

Considerando os dois sistemas de seleção pet e o T1 clonal, observa-se que os AGE foram superiores para os caracteres na pet. Este comportamento superior dos AGE na pet, pode ser explicado pelas condições “controladas” a qual foi submetida a população na pet, uma vez que foi utilizada a mesma população nos dois experimentos e na condição de pet a estimativa do CV_g foi de maior magnitude para a maioria dos caracteres estudados.

Os caracteres MB, MC apresentaram o maior AGE (30,47 e 29,55%) na pet e (14,87 e 12,91%) no T1 clonal. Este resultado, aliado às maiores estimativas obtidas para a relação CV_g/CV_e , e herdabilidade, evidencia que grandes ganhos podem ser obtidos com a seleção para estes caracteres, especialmente no T1 clonal, onde as magnitudes da relação CV_g/CV_e da herdabilidade e da acurácia observados foram maiores. Os menores valores de AGE foram observados para os caracteres NC, EC, DC, e BX, variando de 12,99% para EC na pet (Tabela 14) a 0,55% para BX no T1 clonal (Tabela 16).

Alguns trabalhos de AGE são encontrados na literatura com uma abordagem diferenciada, como os estudos realizados por Sharma e Singh (1998), que ao avaliar genótipos de três diferentes origens observaram taxas de AGE que variaram de 9,60 a 12% para DC na fase T2. Baffa (2010) trabalhando na fase T2 para diferentes proporções de seleção, observou para o caráter DC os valores de 11,87 a 6,14% e, para a EC os valores de 7,03 a 3,85%.

Pedrozo (2006), trabalhando sob três proporções de seleção (10, 20 e 40%) dos caracteres avaliados na fase T1 e na média dos cortes da fase T2, observou que na proporção de seleção de 10%, para todos os caracteres avaliados em ambas as fases de seleção foram cerca de duas vezes superiores que na proporção de seleção de 40%, sendo os AGE para EC, BX e DC de 17,52, 7,39 e 14,40 para o T1 e de 13,88, 4,89 e 16,32 respectivamente para os mesmos caracteres para o T2.

Quanto as estimativas dos AGE entre as populações selecionadas para os caracteres observados no T1 tradicional (Tabela 18), é importante destacar que apesar da utilização das mesmas progênies, as situações experimentais são diferentes (pet, clonal e tradicional), e os indivíduos da população trabalhada no tradicional são diferentes da pet/clonal.

Tabela 18. Avanços genéticos esperados (AGE-%) dos caracteres massa verde da touceira (MC), número de colmo da touceira (NC), estatura do colmo principal (EC), diâmetro do colmo principal (DC), brix (BX) do colmo principal e do produto MC x BX (MB) nas populações constituídas pelos *seedlings* qualificados (SQ) pelas plantas de maior vigor, pelos *seedlings* identificados pelas plantas com vigor intermediário (SI) e os *seedlings* não qualificados (SNQ) pelas plantas de menor vigor, avaliados em nível de planta na seleção fenotípica no T1 tradicional, Paranaíba, PR. 2013

Caracteres	Seleção	População	Ranking	Média	g	u + g	Ganho	Nova Média	AGE%
T1 Tradicional	MC (kg)	SQ	1	2.752	3.101	5.853	3.101	5.853	112.66
		SI	2		2.753	5.505	2.927	5.679	106.34
		SNQ	3		2.320	5.072	2.724	5.477	98.99
	NC	SQ	1	6.312	2.284	8.596	2.284	8.596	36.18
		SI	2		0.879	7.190	1.581	7.893	25.05
		SNQ	3		-3.163	3.149	0.000	6.312	0.00
	EC (m)	SQ	1	1.421	0.258	1.679	0.258	1.679	18.12
		SI	2		0.109	1.531	0.183	1.605	12.91
		SNQ	3		-0.367	1.054	0.000	1.421	0.00
	DC (cm)	SQ	1	2.293	0.145	2.438	0.145	2.438	6.34
		SI	2		0.068	2.361	0.107	2.400	4.65
		SNQ	3		-0.213	2.079	0.000	2.293	0.00
	BX (%)	SQ	1	16.872	0.417	17.288	0.417	17.288	2.47
		SI	2		0.264	17.135	0.340	17.212	2.02
		SNQ	3		-0.680	16.191	0.000	16.872	0.00
	MB (kg)	SQ	1	0.608	0.357	0.965	0.357	0.965	58.79
		SI	2		0.079	0.687	0.218	0.826	35.91
		SNQ	3		-0.436	0.171	0.000	0.608	0.00

Efeito genotípico predito g; média genotípica ou valores genotípicos u + g.

As estimativas observadas do AGE no T1 tradicional foram de maior magnitude em relação aos AGE da pet e o T1 clonal, fato já esperado, em se tratando de comparações de diferentes situações experimentais, uma vez que no T1 tradicional, as avaliações desse tipo, em que se tem apenas uma repetição e um volume grande de clones sendo avaliados, deve ter proporcionado aos AGE serem superestimados.

Segundo Falconer, (1981) há indicativo de que as causas da variação genética e ambiental influenciam os caracteres por meio de diferentes mecanismos fisiológicos. Logo, a variação do ambiente aos caracteres no T1 tradicional observado pela maior magnitude do CV_e , diminui a eficiência da observação da predição dos valores genéticos. Se este componente for grande ele tenderá a confundir as diferenças genéticas entre as famílias, tornando a seleção ineficiente e, além destes, associa-se ainda a subjetividade do selecionador.

Pelos trabalhos mencionados, observa-se que os AGE como a exemplo a herdabilidade vista anteriormente, sofre grandes variações de acordo com a população e com as fases de seleção consideradas. Logo, pode-se inferir que as estimativas de parâmetros genéticos e AGE em cana-de-açúcar são peculiares àquelas diferentes situações experimentais, populações e fases consideradas, sendo, até certo ponto, impossível e arriscado extrapolar resultados encontrados na literatura para outras condições, tornando necessário que estas estimativas sejam obtidas para populações e condições em que o melhorista esteja trabalhando.

A eficiência de seleção dada pela relação da acurácia pelo tempo, comparativa com o método de seleção fenotípica do T1 Tradicional com a utilizada pelo Sistema Simplificado de Seleção, que envolvem a avaliação de famílias com avaliações em plantas individuais em cana-de-açúcar realizada neste estudo é discutida a seguir, quando é apresentado as expressões da eficiência de seleção entre os métodos utilizados: $Ef = g_1/g_2$, onde o g_1 é o valor da acurácia no T1 tradicional pela razão do tempo a qual foi submetida para obtenção dos valores. O g_2 refere-se ao valor da acurácia do sistema em seleção em comparação, pela razão do tempo neste sistema para obtenção dos valores.

Quanto aos ganhos genéticos relacionados com o tempo, considerando a avaliação da seleção fenotípica realizada no T1 tradicional em cana-soca, na pet e no T1 clonal em cana-planta (Tabela 19), os valores genéticos obtidos pela relação da acurácia e o tempo, revelaram que a eficiência de seleção na pet foi superior em 25% e o T1 clonal em 50% em comparação com o T1 tradicional.

A eficiência de seleção obtida pela pet pela relação da acurácia e o tempo em comparação com a do T1 clonal, foi em média duas vezes superior para todos os caracteres. Este resultado já era esperado, uma vez que, além do tempo menor em cerca de 330 dias para completar o ciclo de seleção, as magnitudes dos componentes de variância e dos parâmetros genéticos (Tabela 9) observados na pet, foram superior ao T1 clonal.

Entretanto, essa eficiência não pode ser computada pelo SSS, pois o transplante das populações para pet foi com o objetivo principal de formação de colmos para a clonagem antecipada, garantida pela formação das mudas com repetição dos indivíduos para o plantio do T1 clonal. Contudo, estes resultados, sugere que na pet antes do corte, a população seja submetida a mais um ciclo de seleção, garantindo assim mais uma oportunidade de descarte de clones inferiores.

Tabela 19. Eficiência de seleção dada pela razão da acurácia seletiva das progênes (AC_{prog}) pelo tempo (T) entre a seleção na fase inicial no T1 tradicional, pet e T1 clonal, com avaliação em plantas individuais para os caracteres massa verde (MC), número de colmos (NC), estatura de colmo (EC), diâmetro de colmo (DC), brix (BX) e pelo produto da MC x BX (MB), Paranavaí, PR. 2013

Caracteres	T1 TRADICIONAL			PET			T1 CLONAL			Eficiência de seleção (AC_{prog}/T)		
	AC_{prog}	T	Ganho	AC_{prog}	T	Ganho	AC_{prog}	T	Ganho	P/T	C/T	P/C
MC	0.57	681	0.0008	0.90	236	0.0038	0.91	566	0.0016	0.22	0.52	2.38
NC	0.43	681	0.0006	0.86	236	0.0036	0.79	566	0.0014	0.17	0.45	2.61
EC	0.59	681	0.0009	0.95	236	0.0040	0.96	566	0.0017	0.21	0.51	2.38
DC	0.77	681	0.0011	0.93	236	0.0039	0.95	566	0.0017	0.29	0.67	2.35
BX	0.67	681	0.0010	0.95	236	0.0040	0.97	566	0.0017	0.25	0.58	2.34
MB	0.60	681	0.0009	0.90	236	0.0038	0.89	566	0.0016	0.23	0.56	2.44

Acurácia da progênie (AC_{prog}), tempo (T), pet (P), T1 tradicional (T), T1 clonal (C).

Outros trabalhos que relacionam ganhos com a seleção entre métodos de seleção nas fases iniciais do melhoramento da cana-de-açúcar são encontrados na literatura. Barbosa et. al (2012), estudando a eficiência comparativa dos métodos de seleção que envolvem a avaliação de famílias de irmãos completos em cana-de-açúcar e o do ganho com a seleção para novos métodos de seleção baseado na seleção fenotípica, perceberam que os mais precisos são aqueles que envolvem BLUP e BLUPIS.

No Sistema Simplificado de Seleção, a semelhança dos resultados observados pela eficiência de seleção dada pela relação entre a acurácia e o tempo, para todos os caracteres estudados de 25% na pet e 50% no T1 clonal, comparados com o T1 tradicional, traz evidências da regularidade da metodologia proposta no Sistema Simplificado de Seleção, pois se aproxima da condição teórica de máximo ganho, que considera na sua estimativa todas as informações fenotípicas e genéticas disponíveis sobre o caráter.

4.4 CONCLUSÕES

- O Sistema Simplificado de Seleção pode ser usado como ferramenta de seleção antes das etapas de campo.
- É possível identificar as melhores progênies, permitindo a seleção e o descarte de genótipos no Sistema Simplificado de Seleção.
- A seleção antecipada de população dentro das progênies é eficiente para identificar as melhores plantas, com avanços genéticos esperados estimados em cerca de duas vezes superiores a população intermediária.
- A eficiência de seleção estimada pela relação da acurácia e o tempo, é 25% superior para seleção em pet e de 50% superior para o T1 clonal em relação ao T1 tradicional.

REFERÊNCIAS

- ALMEIDA, Livia Marcon et al. Breeding full-sib families of sugar cane using selection index. *Cienc. Rural*, Santa Maria, v. 44, n. 4, Apr. 2014. Disponível em: <http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0103-84782014000400005&lng=en&nrm=iso>. Acesso em: 03 June 2014. <http://dx.doi.org/10.1590/S0103-84782014000400005>.
- BAFFA, D. C. F. (2010) Herdabilidade e correlações genotípicas de caracteres agronômicos, constituintes da parede celular e sacarificação em cana-de-açúcar. Dissertação em genética e melhoramento. Viçosa. UFV. 54p.
- BARNES, A. C. **The sugar cane**. 2. ed. London: Leonar Hill Books, 1974. 572 p.
- BASTOS, I. T. et al. Análise dialélica em clones de cana-de-açúcar. **Bragantia**, Campinas, v. 62, n. 2, p. 199-206, 2003. <http://dx.doi.org/10.1590/S0006-87052003000200004>
- BRESSIANI, J.A. **Seleção sequencial da cana-de-açúcar**. 2001. 134p. Tese (Doutorado) -. Universidade de São Paulo, Piracicaba. 2001.
- BARBOSA M.H.P; RESENDE, M.D.V; DIAS, L.A.S; BARBOSA, G.V.S; OLIVEIRA, R.A; PETERNELLI, L.A; DAROS E. Genetic improvement of sugar cane for bioenergy: the Brazilian experience in network research with RIDESA. **Crop Breeding and Applied Biotechnology** S2: 87-98. 2012. Disponível em: http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1984-70332012000500010&lng=en&tlng=en.10.1590/S1984-70332012000500010. Acesso em 06 de maio 2014.
- CARDOSO-SILVA, C.B.; COSTA, E.A.; MANCINI, M.C.; BALSALOBRE, T.W.A.; CANESIN, L.E.C.; PINTO, L.R.; CARNEIRO, M.S.; FRANCO-GARCIA, A.A.F.; SOUZA, A. P.; VICENTINI, R. Novo Assembly and Transcriptome Analysis of Contrasting Sugarcane Varieties. **Plos One**, v. 9, p. e88462, 2014.
- COX, M.; HOGARTH M.; SMITH, G. (2000) CANE BREEDING AND IMPROVEMENT. IN: HOGARTH M.; ALLSOPP, P. (EDS.) Manual of cane growing. PK Editorial Service, Brisbane, P. 91-108
- CESNIK, R.; MIOCQUE, J. **Melhoramento da cana-de-açúcar**. Brasília: Embrapa, 2004. 307p.

COUTO, M.F; PETERNELLI, L.A; BARBOSA, M.H.P. Classification of the coefficients of variation for sugarcane crops. *Cienc. Rural* [online]. 2013, vol.43, n.6, pp. 957-961. ISSN 0103-8478. <http://dx.doi.org/10.1590/S0103-84782013000600003>

DILLEWIJN, C. **Botany of sugar cane**. Walthen: Chronica Botanica, 1952. p.136-141. 359p.

DE PAULA, T.O.M. (2013) Grupos Heteróticos e seleção recorrente recíproca em cana-de-açúcar. Tese de doutorado. Viçosa. UFV. 91p.

EMBRAPA - **Centro Nacional de Pesquisa de Solos (Rio de Janeiro, RJ.) Sistema brasileiro de classificação de solos**. - Brasília: Embrapa Produções de Informações; Rio de Janeiro: Embrapa Solos, 1999, 412p.

FALCONER, D.S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa: UFV. 279p.1981.

FAOSTAT. Food and agricultural commodities production. Disponível em <<http://faostat.fao.org/DesktopDefault.aspx?PageID=339&lang=en>>. 2013. Acesso em: 10 abri. 2014.

GOMES, FP Curso de Estatística experimental. 15.ed. Piracicaba: Esalq, 2009 477p.

HENDERSON, C.R. (1984) Applications of linear models in animal breeding. Guelph: University Guelph. 439 p.

HOFSETZ, K.; SILVA M.A. Brazilian sugarcane bagasse: Energy and non-energy consumption. **Biomass Bioenerg**, v.46, p.564-573, 2012.

HAMBLIN, J.; ZIMMERMAN, M. J. O. Breeding common bean for yield mixtures. **Plant Breeding Reviews**, v. 04, p. 245-272, 1986.

IAPAR. Instituto Agrônômica do Paraná. Médias históricas das estações do IAPAR. Disponível em <http://www.iapar.br/arquivos/Image/monitoramento/Medias_Historicas/Paranavai.htm>. Acesso em: 14 mai. 2014.

KIMBERG, C.A.; COX, M.C. Early generation selection of sugarcane families and clones in Australia: a review. **Journal of the American Society of Sugar Cane Technologists**, v.23, p.20-39, 2003.

LANDELL, M. G. A.; CAMPANA, M. P.; FIGUEIREDO, P.; XAVIER, M. A.; ANJOS, I. A.; DINARDO-MIRANDA, L. L.; SCARPARI, M. S.; GARCIA, J. C.; BIDOIA, M. A. P.; SILVA, D. N.; MENDONCA, J. R.; KANTHACK, R. A. D.; CAMPOS, M. F.; BRANCALIAO, S. R.; PETRI, R. H.; MIGUEL, P. E. M. **Sistema de multiplicação de cana-de-açúcar com uso de mudas pré-brotadas (MPB) oriundas de gemas individualizadas. Campinas/SP: IAC. 2012. MPB) oriundas de gemas individualizadas.** Campinas/SP: IAC, 2012 (Documentos IAC, 109).

LUSH, J. L. Family merit and individual merit as basis for selection. **American Naturalist**, V. 80, P. 318-342, 1947.

LEITE, M.S.O.; PETERNELLI, L.A.; BARBOSA, M.H.P.; CECOM, P.R.; CRUZ, C. D. (2009) Sample size for full-sib family evaluation in sugarcane. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 44, p. 1562-1574, 2009.

MARIOTTI, J. A.; CUENYA, M. I.; SALAS, M. B. G. Análisis de componentes familiares e intra-familiares em progênies de combinaciones biparentales de cana de azucar (*Saccharum* spp.). **Revista Industrial y Agrícola de Tucumán**, v.76, p.52-57, 1999.

McRAE, T. A.; ERQUIAGA, D. L.; JENSEN, L. F.; RATTEY, A. R.; STRINGER, J. K. BSES sugarcane breeding program in the Burdekin. In: AUSTRALIAN SOCIETY OF SUGAR CANE TECHNOLOGISTS CONFERENCE, 20. Ballina, 1998. Proceedings. Brisbane: Watson Ferguson, 1998. p. 196-203.

OLIVEIRA, R.A. (2007) Seleção de Famílias de maturação precoce em cana-de açúcar via REML/BLUP. Tese de Doutorado. Curitiba. UFP. 127p.

PAIVA, J. R.; RESENDE, M. D. V.; CORDEIRO, E. R. Índice multiefeitos e estimativas de parâmetros genéticos em aceroleira. **Pesquisa Agropecuária Brasileira : Brasília**, v.37, n.6, p.799-807, 2002.

PEDROZO, C. A.; BARBOSA, M. H. P.; SILVA, F. L.; RESENDE, M. D. V.; PETERNELLI, L. A. Repeatability of full-sib sugarcane families across harvests and the efficiency of early selection. **Euphytica**, v. 182, n. 3, p. 423-430, 2011.

PEDROZO, C. A. **Eficiência da seleção em fases iniciais do melhoramento da cana-de-açúcar.** Viçosa-minas gerais: 2006. 102p. Dissertação (mestrado em genética e melhoramento), Universidade Federal de Viçosa.

PEARSON, K. (1892).The grammar of science. London, J. M. Dent and Company.

PRADO, H. **Solos do Brasil: gênese, morfologia, classificação, levantamento, manejo agrícola e geotécnico**. 3 ed. ver. amp. Piracicaba - SP, 2003.

RESENDE, M.D.V; BARBOSA, M.H.P. **Melhoramento genético de plantas de propagação assexuada**. Colombo: Embrapa Informação Tecnológica, 2005. 130p.

RAMALHO, M.A.P.; SANTOS, J.B.; PINTO, C.A.B.P. **Genética na agropecuária**. 2.ed.Lavras: UFLA, 2001. 472P.

RESENDE, M.D.V.; DUARTE, J.B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v.37, n.3, p.182-194. 2007.

RESENDE, M.D.V. Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes. Colombo: EMBRAPA Floresta; Brasília: Informação Tecnológica, 2002. 975p.

RESENDE, M. D. V. **O software Selegen-Reml/Blup**. Embrapa Informação Tecnológica, Campo Grande. 2006.

RESENDE, M.D.V. Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes. Colombo: EMBRAPA Floresta; Brasília: Informação Tecnológica, 2002. 975p.

RESENDE, M.D.V; BARBOSA, M.H.P. **Melhoramento genético de plantas de propagação assexuada**. Colombo: Embrapa Informação Tecnológica, 2005. 130p.

RESENDE, M.D.V. **Análise estatística de modelos mistos via REML/BLUP na experimentação em melhoramento de plantas perenes**. Colombo: Embrapa Florestas, n.47, p.1-101, 2000. (Documentos 47) 102p.

SHARMA, M.L.; SINGH, P. Selection effect of heritability and association in sugarcane (*Saccharum officinarum*) of important traits. **Indian Journal Agricultural Sciences**. v.68. n.7. p. 355-357. 1998

SILVA, D. N.; MENDONÇA, J. R.; KANTHACK, R. A. D.; CAMPOS, M. F.; BRANCALIAO, S. R.; PETRI, R. H.; MIGUEL, P. E. M. **Sistema de multiplicação de cana-de-açúcar com uso de mudas pré-brotadas (MPB) oriundas de gemas individualizadas**. Campinas/SP: IAC. 2012. MPB) oriundas de gemas individualizadas. Campinas/SP: IAC, 2012 (Documentos IAC, 109).

SCORTECCI K.C. et. al. Challenges, opportunities and recent advances in sugarcane breeding, in **Plant Breeding**, (ed) Abdurakhmonov. I. Y. editor. (London, UK: In Tech). 2012. <<http://www.intechopen.com/books/plant-breeding/challenges-opportunities-and-recent-advances-in-sugarcane-breeding>>. Acesso em: 12 dez. 2013.

SILVA, F.L. (2009) **Seleção dentro de famílias de cana-de-açúcar via BLUP individual simulado**. Tese de doutorado. Viçosa. UFV. 65p.

SINGH, H.N.; SINGH, S.B.; SINGH, T.K. Selection parameters in sugarcane. **Indian Journal Agricultural Sciences**. v.51. n.8. p. 562-566. 1981.

SKINNER, J.C.; HOGARTH, D.M.; Wu, K.K. Selection methods, criteria, and indices. In D.J. Heinz (ed.) Sugarcane improvement through breeding. **Developments in crop science**, v.11, p. 409–453, 1987.

STEEL, R.G.D., TORRIE, J.H., DICKEY, D.A. Principles and procedures of statistics: a biometrical approach. 3ed. McGraw-Hill Companies. 1997. 666p.

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E.; VIEGAS, G. P. (Ed.) Melhoramento e produção de milho. 2.ed. Campinas: **Fundação Cargill**, 1987. cap. 5, p.137-214.

ZACARIAS, C.A.B. **Estimação de parâmetros genéticos e fenotípicos em clones de cana-de-açúcar (*Saccharum spp*) e suas implicações no melhoramento**. Piracicaba, SP. ESALQ/USP. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba. 82p. 1977.

5 CONSIDERAÇÕES FINAIS

A seleção é o fator mais crítico em todo processo no melhoramento genético da cana-de-açúcar, e tem sido submissa a complexidade do genoma, aos efeitos aditivos e não aditivos do caráter principal toneladas de cana por hectare, que além de apresentar baixa herdabilidade é selecionado de forma indireta pelos caracteres secundários, que são fortemente influenciados pela interação genótipo ambiente. Isto tem condicionado o melhoramento da cana-de-açúcar a um longo período de tempo, tornando-o dispendioso e laborioso.

Contudo, estes elementos vêm subordinando os meios para aplicação de uma seleção mais efetiva, através das teorias genéticas quantitativas e das ferramentas de seleção mais elaboradas, e até o momento, não tinha existido uma abordagem que permitisse a seleção de forma efetiva e consistente o suficiente para melhorar o processo, já antes das etapas de campo nas fases iniciais.

Entretanto, os resultados deste estudo, evidenciaram relações entre a seleção fenotípica x seleção genotípica, pois ocorreu semelhança entre os ganhos de 50% na média das plantas de maior vigor na abordagem fenotípica, com os ganhos genéticos preditos destas mesmas plantas na abordagem genética. Assim, estes resultados trazem algumas respostas das perguntas clássicas relacionadas ao sucesso da seleção fenotípica aplicada até ao momento no melhoramento genético clássico da cana-de-açúcar. Além do mais, estas respostas colocam os selecionadores ditos em uma linguagem figurativa de “pioristas”, que usam sua subjetividade e seus conhecimentos tácitos para selecionar as melhores plantas em campo pelo fenótipo, na mesma condição de oportunidade dos selecionadores ditos como “melhoristas”, que fazem uso das ferramentas mais modernas da genética quantitativa.

Assim, uma nova oportunidade precisa ser dada ao melhoramento genético clássico da cana-de-açúcar nos elementos que compõem todo o processo de seleção. Precisamos inovar, “sair do quadrado”, aproveitar melhor a oportunidade dada pelo caráter de ser selecionado em um mesmo grau de oportunidade dado pela evidência da relação existente do fenotípico x genético, demonstrado neste estudo no vigor das plantas juvenis, já antes das etapas de campo.

Os resultados deste estudo indicam o Sistema Simplificado de Seleção como uma inovação, que apresenta uma grande contribuição para seleção de progênies antes das etapas de campo, aplicada em plantas individuais através da seleção de populações, pois os resultados trazem evidências da regularidade da metodologia proposta, que se aproxima da

condição teórica de máximo ganho, além de considerar na sua estimativa todas as informações fenotípicas e genéticas disponíveis sobre o caráter. Assim, novos estudos deverão ser realizados, a fim de consubstanciar mais conhecimentos que subsidiem aperfeiçoamentos na seleção anterior às etapas de campo.

ANEXOS

Tabela 1. Média mensal de três anos (2010/2013) de elementos agrometeorológicos da EECAC – Pernambuco, nas coordenadas 07° 35' de latitude sul e 34° 15' de longitude, 180 metros de altitude

Mês	Temperatura °C		Média	UR%	Precipitação	Evaporização	Insolação	Vento	
	Máxima	Mínima			mm	mm	Horas	m/s	Direção
Janeiro	30,4	22,3	25,7	76	74,8	208,0	222,0	3,0	E-SE
Fevereiro	30,0	22,6	25,3	78	61,0	171,0	181,0	3,0	E-SE
Março	29,7	22,1	25,2	82	49,3	167,0	186,0	2,4	E-SE
Abril	29,8	22,2	25,1	83	117,2	147,0	201,0	2,6	E-SE
Maio	28,3	21,5	24,3	85	166,6	117,0	173,0	2,0	E-SE
Junho	27,0	20,0	23,0	87	264,7	107,0	168,0	2,4	E-SE
Julho	26,4	19,8	22,4	86	207,9	110,0	166,0	2,4	E-SE
Agosto	26,9	19,7	22,6	83	100,8	131,0	206,0	2,6	E-SE
Setembro	27,9	20,3	23,5	79	27,5	157,0	199,0	3,2	E-SE
Outubro	29,3	21,0	24,3	75	33,9	183,0	237,0	3,4	E-SE
Novembro	30,1	21,5	25,0	74	20,9	203,0	236,0	3,4	E-SE
Dezembro	30,0	21,9	25,2	76	56,1	198,0	218,0	3,2	E-SE
Ano					1180,7	1899,0	2393,0		
Média	28,8	21,3	24,3	80				2,8	E-SE

UR=Umidade relativa, mm=milímetro, m/s=metros por segundo.

Tabela 2. Média mensal de três anos (2010/2013) de elementos agrometeorológicos de Goiana – Pernambuco, nas coordenadas 08° 19,8' de latitude sul e 35° 24,8' de longitude, 15 metros de altitude

Mês	Temperatura °C		Média	UR%	Precipitação	Evaporização	Insolação	Vento	
	Máxima	Mínima			mm	mm	Horas	m/s	Direção
Janeiro	31,6	19,7	25,7	80	187,8	216,0	266,9	3,8	NE-S
Fevereiro	31,4	20,1	25,7	81	93,6	180,0	226,2	3,6	S
Março	31,3	20,2	25,7	81	87,3	174,0	190,2	3,4	E-S
Abril	30,5	20,1	25,3	82	169,6	173,0	192,4	3,4	E-S
Maio	29,7	19,9	24,7	84	225,0	140,0	209,1	3,4	E-S
Junho	28,7	19,3	23,9	86	313,4	151,0	182,1	3,6	E-S
Julho	28,3	18,7	23,3	87	332,0	154,0	192,7	3,8	E-S
Agosto	27,5	17,7	23,1	86	126,9	151,0	219,9	4,0	S
Setembro	29,8	18,5	24,1	84	57,1	165,0	177,3	3,8	S
Outubro	30,9	18,7	24,8	82	42,0	190,0	252,2	4,0	S
Novembro	31,5	18,9	25,2	81	23,6	192,0	273,8	3,8	E-S
Dezembro	31,7	19,3	25,7	83	39,3	236,0	269,2	3,6	E-S
Ano					1697,6	2122,0	2652,0		
Média	30,2	19,3	24,8	83				3,9	E-S

UR=Umidade relativa, mm=milímetro, m/s=metros por segundo.

Tabela 3. Série histórica de 1975/2013 da estação de Agrometeorologia do IAPAR – Paranavaí, código: 02352017, nas coordenadas 23° 05' de latitude sul e 52° 26 de longitude, 480 metros de altitude

MÊS	TEMPERATURA DO AR (°C)						U.REL		VENTO		Total	PRECIPITACAO			EVAPOR.		INSOL.
	Média máxima	Média mínima	Máxima abs	Ano	Mínima abs	Ano	Média comp	Média %	Dir pr.	m/s		Máxima 24h	Ano	Dias chuva	Total mm	Total horas	
JAN	31,1	21,0	37,4	93	11,5	80	25,1	74	NE	2,2	185,5	90,8	95	14	101,8	219,4	
FEV	31,1	20,9	37,6	78	13,0	87	25,0	75	NE	2,0	168,2	116,2	2000	14	87,2	200,3	
MAR	30,7	20,3	38,9	2005	8,4	87	24,5	72	NE	2,0	127,3	101,4	92	10	103,8	232,5	
ABR	28,8	18,2	35,6	2002	4,8	99	22,5	71	NE	2,1	103,1	78,0	92	8	95,9	226,3	
MAI	25,4	15,2	32,4	2013	2,3	2007	19,3	73	NE	2,1	113,0	90,0	2002	8	85,7	214,3	
JUN	24,2	14,2	31,6	2000	0,5	94	18,2	72	NE	2,3	99,8	135,1	2012	7	84,3	201,7	
JUL	24,7	13,8	33,1	2006	-3,0	75	18,2	65	NE	2,5	63,6	55,6	87	6	111,6	227,1	
AGO	26,9	15,3	36,0	95	0,0	84	20,1	59	NE	2,7	53,2	94,2	76	5	148,5	233,5	
SET	27,4	16,2	38,4	2004	1,8	2006	21,0	63	NE	2,8	127,7	110,3	2010	9	138,0	197,0	
OUT	29,5	18,3	38,9	2012	8,6	82	23,1	66	NE	2,5	155,3	129,5	75	10	131,8	222,6	
NOV	30,4	19,3	41,5	85	10,0	76	24,1	66	NE	2,4	130,7	97,7	2007	10	129,0	237,8	
DEZ	30,9	20,5	40,0	85	12,4	2001	24,9	71	NE	2,3	173,7	119,0	91	13	118,2	226,9	
ANO	28,4	17,8					22,2	69,0			1501			113	1336	2639	
EXT			41,5		-3,0							135,1					

Temperatura (°C), mensal, máxima e mínima, máxima e mínima absoluta (abs) correspondente ao ano e média compensada (comp). Umidade %, média mensal. Vento, direção e velocidade. Precipitação mensal (mm), máxima em 24 horas, dias com chuva correspondente ao ano. Evapotranspiração (mm), total. Insolação (horas).

Tabela 4. Resultados das análises químicas e granulométrica, Estação Experimental de Paranavaí, SCA-UFPR

Química													Física			
Profundidade	pH	pH	Al ³⁺	H ⁺ Al ³⁺	Ca ⁺²	Mg ⁺²	K ⁺	SB	T	P	C	V	Areia grossa	Areia fina	Silte	Argila
cm	CaCl ₂	SMP														
0-20	5,60	7,3	0,0	1,90	1,30	0,90	0,12	2,32	4,22	14,60	13,3	55	548,0	118,5	8,5	125,0
20-40	5,70	7,3	0,0	1,90	1,40	1,1	0,07	2,57	4,47	7,70	15,3	57	515,5	337,5	22,0	125,0

Tabela 5. Análise de “Deviance” para o caráter massa verde na seleção em pet

EFEITOS	DEVIANCE	X ²	Cvar	Cdet
Efeito Aditivo + efeito de dominância	-1859,34	76,490 **	0,008168	0,133293
Efeito de ambiente/parcela	-1935,82	0,010 ns	0,012711	0,103706
Completo	-1935,83			

**, *, ns: efeito significativo pelo teste do X² (Qui-quadrado) para os níveis de 1 e 5% de probabilidade, respectivamente, e (ns) não significativo. Cvar – Componentes de variância; Cdet – Coeficiente de determinação.

Tabela 6. Análise de “Deviance” para o caráter número de colmos por touceira na seleção em pet

EFEITOS	DEVIANCE	X ²	Cvar	Cdet
Efeito Aditivo + efeito de dominância	2887,24	38,210 **	0,103098	0,079788
Efeito de ambiente/parcela	2849,03	0,000 ns	0,27569	0,106678
Completo	2849,03			

**, *, ns: efeito significativo pelo teste do X² (Qui-quadrado) para os níveis de 1 e 5% de probabilidade, respectivamente, e (ns) não significativo. Cvar – Componentes de variância; Cdet – Coeficiente de determinação.

Tabela 7. Análise de “Deviance” para o caráter estatura do colmo principal na seleção em pet

EFEITOS	DEVIANCE	X ²		Cvar	Cdet
Efeito Aditivo + efeito de dominância	13064,82	242,180	**	288,8608	0,328515
Efeito de ambiente/parcela	12822,64	0,000	ns	1306,424	0,092860
Completo	12822,64				

**, *, ns: efeito significativo pelo teste do X² (Qui-quadrado) para os níveis de 1 e 5% de probabilidade, respectivamente, e (ns) não significativo. Cvar – Componentes de variância; Cdet – Coeficiente de determinação.

Tabela 8. Análise de “Deviance” para o caráter diâmetro do colmo principal na seleção em pet

EFEITOS	DEVIANCE	X ²		Cvar	Cdet
Efeito Aditivo + efeito de dominância	-1722,35	138,580	**	0,014091	0,211046
Efeito de ambiente/parcela	-1860,93	0,000	ns	0,013271	0,099386
Completo	-1860,93				

**, *, ns: efeito significativo pelo teste do X² (Qui-quadrado) para os níveis de 1 e 5% de probabilidade, respectivamente, e (ns) não significativo. Cvar – Componentes de variância; Cdet – Coeficiente de determinação.

Tabela 9. Análise de “Deviance” para o caráter brix do colmo principal na seleção em pet

EFEITOS	DEVIANCE	X ²		Cvar	Cdet
Efeito Aditivo + efeito de dominância	4636,04	240,990	**	1,291432	0,327753
Efeito de ambiente/parcela	4395,05	0,000	ns	0,732121	0,092903
Completo	4395,05				

**, *, ns: efeito significativo pelo teste do X² (Qui-quadrado) para os níveis de 1 e 5% de probabilidade, respectivamente, e (ns) não significativo. Cvar – Componentes de variância; Cdet – Coeficiente de determinação.

Tabela 10. Análise de “Deviance” para o caráter do produto massa verde pelo brix na seleção em pet

EFEITOS	DEVIANCE	X ²		Cvar	Cdet
Efeito Aditivo + efeito de dominância	-7631,24	78,660	**	0,000205	0,136484
Efeito de ambiente/parcela	-7709,90	0,000	ns	0,000310	0,103529
Completo	-7709,90				

**, *, ns: efeito significativo pelo teste do X² (Qui-quadrado) para os níveis de 1 e 5% de probabilidade, respectivamente, e (ns) não significativo. Cvar – Componentes de variância; Cdet – Coeficiente de determinação.

Tabela 11. Análise de “Deviance” para o caráter massa verde na seleção no T1 clonal

EFEITOS	DEVIANCE	X ²		Cvar	Cdet
Efeito Aditivo + efeito de dominância	10458,77	437,010	**	3,58657	0,40658
Efeito de ambiente/parcela	10029,68	7,920	**	0,567927	0,064381
Efeito genético entre populações	10459,39	437,630	**	0,290414	0,032922
Completo	10021,76				

**, *, ns: efeito significativo pelo teste do X² (Qui-quadrado) para os níveis de 1 e 5% de probabilidade, respectivamente, e (ns) não significativo. Cvar – Componentes de variância; Cdet – Coeficiente de determinação.

Tabela 12. Análise de “Deviance” para o caráter número de colmo por touceira na seleção no T1 clonal

EFEITOS	DEVIANCE	X ²		Cvar	Cdet
Efeito Aditivo + efeito de dominância	10188,00	406,010	**	2,849255	0,359448
Efeito de ambiente/parcela	9861,90	79,910	**	0,585474	0,073861
Efeito genético entre populações	10138,90	356,910	**	0,046388	0,005852
Completo	9781,99				

**, *, ^{ns}: efeito significativo pelo teste do X² (Qui-quadrado) para os níveis de 1 e 5% de probabilidade, respectivamente, e (^{ns}) não significativo. Cvar – Componentes de variância; Cdet – Coeficiente de determinação.

Tabela 13. Análise de “Deviance” para o caráter estatura do colmo principal na seleção no T1 clonal

EFEITOS	DEVIANCE	X ²		Cvar	Cdet
Efeito Aditivo + efeito de dominância	-1292,15	303,100	**	0,058333	0,176821
Efeito de ambiente/parcela	-1161,13	434,120	**	0,114371	0,346685
Efeito genético entre populações	-1525,91	69,340	**	0,015826	0,047974
Completo	-1595,25				

**, *, ^{ns}: efeito significativo pelo teste do X² (Qui-quadrado) para os níveis de 1 e 5% de probabilidade, respectivamente, e (^{ns}) não significativo. Cvar – Componentes de variância; Cdet – Coeficiente de determinação.

Tabela 14. Análise de “Deviance” para o caráter diâmetro do colmo principal na seleção no T1 clonal

EFEITOS	DEVIANCE	X ²		Cvar	Cdet
Efeito Aditivo + efeito de dominância	-1578,65	180,600	**	0,030920	0,116662
Efeito de ambiente/parcela	-1478,87	280,380	**	0,082887	0,312732
Efeito genético entre populações	-1746,88	12,370	**	0,002846	0,010736
Completo	-1759,25				

**, *, ^{ns}: efeito significativo pelo teste do X² (Qui-quadrado) para os níveis de 1 e 5% de probabilidade, respectivamente, e (^{ns}) não significativo. Cvar – Componentes de variância; Cdet – Coeficiente de determinação.

Tabela 15. Análise de “Deviance” para o caráter brix do colmo principal na seleção no T1 clonal

EFEITOS	DEVIANCE	X ²		Cvar	Cdet
Efeito Aditivo + efeito de dominância	11349,90	788,450	**	4,793000	0,345320
Efeito de ambiente/parcela	10685,66	124,210	**	2,122439	0,152915
Efeito genético entre populações	10561,59	0,140	^{ns}	0,005005	0,000361
Completo	10561,45				

**, *, ^{ns}: efeito significativo pelo teste do X² (Qui-quadrado) para os níveis de 1 e 5% de probabilidade, respectivamente, e (^{ns}) não significativo. Cvar – Componentes de variância; Cdet – Coeficiente de determinação.

Tabela 16. Análise de “Deviance” para o caráter do produto da massa verde pelo brix na seleção no T1 clonal

EFEITOS	DEVIANCE	X ²		Cvar	Cdet
Efeito Aditivo + efeito de dominância	-2742,91	24,080	**	0,004668	0,025276
Efeito de ambiente/parcela	-2370,11	396,880	**	0,072246	0,391230
Efeito genético entre populações	-2748,74	18,250	**	0,003117	0,016881
Completo	-2766,99				

**, *, ^{ns}: efeito significativo pelo teste do X² (Qui-quadrado) para os níveis de 1 e 5% de probabilidade, respectivamente, e (^{ns}) não significativo. Cvar – Componentes de variância; Cdet – Coeficiente de determinação.

Tabela 17. Análise de “Deviance” para o caráter massa verde da touceira na seleção no T1 tradicional

EFEITOS	DEVIANCE	X ²		Cvar	Cdet
Efeito Aditivo + efeito de dominância	2530,85	4,480	*	0,173204	0,052260
Efeito de ambiente/parcela	2526,40	0,030	^{ns}	0,023424	0,003534
Completo	2526,37				

**, *, ^{ns}: efeito significativo pelo teste do X² (Qui-quadrado) para os níveis de 1 e 5% de probabilidade, respectivamente, e (^{ns}) não significativo. Cvar – Componentes de variância; Cdet – Coeficiente de determinação.

Tabela 18. Análise de “Deviance” para o caráter número do colmo na touceira na seleção no T1 tradicional

EFEITOS	DEVIANCE	X ²		Cvar	Cdet
Efeito Aditivo + efeito de dominância	3332,52	0,030	^{ns}	0,024597	0,003007
Efeito de ambiente/parcela	3332,91	0,420	^{ns}	0,146337	0,008946
Completo	3332,49				

**, *, ^{ns}: efeito significativo pelo teste do X² (Qui-quadrado) para os níveis de 1 e 5% de probabilidade, respectivamente, e (^{ns}) não significativo. Cvar – Componentes de variância; Cdet – Coeficiente de determinação.

Tabela 19. Análise de “Deviance” para o caráter estatura do colmo principal na seleção no T1 tradicional

EFEITOS	DEVIANCE	X ²		Cvar	Cdet
Efeito Aditivo + efeito de dominância	-789,80	1,110	^{ns}	0,003188	0,042674
Efeito de ambiente/parcela	-786,21	4,700	*	0,006625	0,044344
Completo	-790,91				

**, *, ^{ns}: efeito significativo pelo teste do X² (Qui-quadrado) para os níveis de 1 e 5% de probabilidade, respectivamente, e (^{ns}) não significativo. Cvar – Componentes de variância; Cdet – Coeficiente de determinação.

Tabela 20. Análise de “Deviance” para o caráter diâmetro do colmo principal na seleção no T1 tradicional

EFEITOS	DEVIANCE	X ²		Cvar	Cdet
Efeito Aditivo + efeito de dominância	-672,03	14,360	**	0,015773	0,179680
Efeito de ambiente/parcela	-684,94	1,450	ns	0,003425	0,019506
Completo	-686,39				

**, *, ns: efeito significativo pelo teste do X² (Qui-quadrado) para os níveis de 1 e 5% de probabilidade, respectivamente, e (ns) não significativo. Cvar – Componentes de variância; Cdet – Coeficiente de determinação.

Tabela 21. Análise de “Deviance” para o caráter brix do colmo principal na seleção no T1 tradicional

EFEITOS	DEVIANCE	X ²		Cvar	Cdet
Efeito Aditivo + efeito de dominância	2729,82	0,970	ns	0,300473	0,065757
Efeito de ambiente/parcela	2773,10	44,250	**	1,392772	0,152400
Completo	2728,85				

**, *, ns: efeito significativo pelo teste do X² (Qui-quadrado) para os níveis de 1 e 5% de probabilidade, respectivamente, e (ns) não significativo. Cvar – Componentes de variância; Cdet – Coeficiente de determinação.

Tabela 22. Análise de “Deviance” para o caráter do produto da massa verde pelo brix na seleção no T1 tradicional

EFEITOS	DEVIANCE	X ²		Cvar	Cdet
Efeito Aditivo + efeito de dominância	-446,92	4,630	*	0,007215	0,066137
Efeito de ambiente/parcela	-451,37	0,180	ns	0,001589	0,007283
Completo	-451,55				

**, *, ns: efeito significativo pelo teste do X² (Qui-quadrado) para os níveis de 1 e 5% de probabilidade, respectivamente, e (ns) não significativo. Cvar – Componentes de variância; Cdet – Coeficiente de determinação.